

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14., D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Sengal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe,
5 die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die
mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und
deren Verwendung.

10 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen
Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B.
Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,
führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen
Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum
Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank
verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also,
die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für
normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von
verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-
Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
35 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares
Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide).
Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können
ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind.
Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen
eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein
völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.
Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit
die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn
zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die
Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende
ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,
Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene
Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

- 40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

- 45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

10

15

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren $\hat{=}$ Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

30

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

35

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

50

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in
15 verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovartumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust 0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
40	Duennndarm 0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe 0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal 0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn 0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
45	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz 0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
50	Lunge 0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
55	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
15	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
20	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
25	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
35	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
40	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0000
45	Uterus_n	0.0083

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0117		0.0128		0.9153	1.0926
	Brust	0.0090		0.0169		0.5293	1.8893
15	Duennndarm	0.0092		0.0331		0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0030		0.0234		0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0204		0.0426		0.4795	2.0856
	Gastrointestinal	0.0211		0.0185		1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274		0.0195		1.4020	0.7133
20	Haematopoetisch	0.0107		0.1136		0.0941	10.6267
	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0194		0.2451	4.0800
	Herz	0.0307		0.0137		2.2358	0.4473
	Hoden	0.0115		0.0819		0.1406	7.1142
25	Lunge	0.0104		0.0286		0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0153		1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188		0.0300		0.6282	1.5918
	Niere	0.0163		0.0342		0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0132		0.0110		1.1966	0.8357
30	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0174		0.0234		0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270		0.5277		0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0408		0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
35	Brust-Hyperplasie	0.0160					
	Prostata-Hyperplasie	0.0297					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0353					
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095					
	Zervix	0.0106					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
45	Entwicklung	0.0696					
	Gastrointenstinal	0.0167					
	Gehirn	0.0626					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
50	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0285					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0303					
	Prostata	0.0997					
	Sinnesorgane	0.0126					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
65	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0000					

	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
5	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
10	Uterus_n	0.0000

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID
 15 No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe
 vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
30	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
40	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
45	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
55		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit

Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 10 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 15 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 20 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0083
 65 Gehirn 0.0125
 Haematopoetisch 0.0157
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
5	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898		
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef		
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889		
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000		
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513		
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317		
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0093					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0309					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0100					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0426			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
20	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenbiase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
25	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duendarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duenndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
10	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
15	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
20	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
25	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
35	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0333			
45	Gehirn	0.0626			
	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0650			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
55	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
75	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0130	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0000	0.0010	3.5998	0.2778	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	undef	0.0000	0.0000

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0125	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000
	Nebenniere	0.0000	0.0000
50	Niere	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0499	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0023	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0164	0.0000
65	Nerven	0.0010	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000
	Uterus_n	0.0042	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.0000		0.0000		undef	undef
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	0.0260	0.0000	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Sinnesorgane	0.0000	0.0118	0.0000	0.0000	undef	undef
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Zervix	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
45	Nebenniere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Placenta	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Eierstock_t	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Foetal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
60	Hoden	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Nerven	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
65	Uterus_n	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0090		0.0056		1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0060		0.0390		0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0231		0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000		0.0031		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0847		0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0021		0.0102		0.2032	4.9209
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0110		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0068		3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0108					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0491					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0162
Hoden	0.0077
Lunge	0.0164
Nerven	0.0221
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0155
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duennndarm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointenstinal	0.0528			
	Gehirn	0.1189			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2721			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.2685			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
25	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0007		0.0021		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0288		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0954		0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
65	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0122					
70	Haematopoetisch	0.0342					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
25	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duennndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duennndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
15	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
20	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
25	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
55	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.2302			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1632			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duenn darm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1084			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
65	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0128		0.3051	3.2777
	Brust	0.0141		0.0150		0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0153		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0090		0.0416		0.2159	4.6326
10	Endokrines_Gewebe	0.0119		0.0176		0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096		0.0139		0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126		0.0031		4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080		0.1136		0.0706	14.1689
15	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
	Herz	0.0191		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0173		0.0117		1.4759	0.6775
20	Lunge	0.0104		0.0164		0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0120		0.5711	1.7510
	Niere	0.0109		0.0137		0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0090		0.0267		0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131		0.0021		6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
35	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104					
	Zervix	0.0000					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0111					
45	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0157					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0285					
	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0377					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
65	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0070					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0082					
75	Nerven	0.0191					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0155					
	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duenn darm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
15	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
20	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
35	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
45	Gehirn	0.0500			
	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0628			
60		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.1220			
70	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
75	Nerven	0.0502			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
20	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
25	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
45	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
75	Nerven	0.0341			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef		
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146		
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982		
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef		
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217		
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890		
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef		
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281		
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020		
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000		
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140		
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0087					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0333					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duendarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102		1.1441	0.8741
	Brust	0.0038		0.0169		0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0184		0.0165		1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000		0.0182		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0326		0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0093		0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067		0.0062		1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0201		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0083		0.0143		0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
20	Niere	0.0109		0.0137		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0128		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0356					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0181					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0126					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0064					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duennndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1381			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
35	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
25	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
75	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0876			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1130			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0402			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duennndarm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
65	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0102		0.7627	1.3111
	Brust	0.0166		0.0282		0.5898	1.6955
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0060		0.0390		0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0392		0.0527		0.7439	1.3442
	Gastrointestinal	0.0153		0.0370		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059		0.0072		0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
	Herz	0.0064		0.0687		0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0239		0.0470		0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0120		0.9994	1.0006
	Niere	0.0299		0.0000		undef	0.0000
25	Pankreas	0.0182		0.0110		1.6453	0.6078
	Penis	0.0210		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0305		0.0106		2.8662	0.3489
	Uterus_Endometrium	0.0203		0.1055		0.1920	5.2070
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0136		0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352					
	Prostata-Hyperplasie	0.0446					
35	Samenblase	0.0267					
	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0222					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0197					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178					
	Lunge	0.0145					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0185					
55	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0126					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.1595					
65	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0408					
	Gastrointestinal	0.0366					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0259					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0410					
75	Nerven	0.0151					
	Prostata	0.0342					
	Sinnesorgane	0.0155					
	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestenstinal	0.0028	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0354	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0375	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
50	Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duenn darm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
10	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
15	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
20	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
	Lunge	0.0867			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0466			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1474			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef		
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985		
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000		
	Duenndarm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625		
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737		
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000		
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0040					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
35	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0035					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0098					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0030					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0121					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duendarm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075	4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801	0.6756
	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234	0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278	0.8145
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5666	1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206	0.9799
20	Niere	0.0157	0.0145	1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0069			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037	0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907	0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466	0.9555
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539	3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091	0.0412	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050	0.9049
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0384	0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537	0.0289	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109	1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498	1.0528
	Duennndarm	0.0247	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354	4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0128	2.8338	0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895	1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499	1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934	0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504	0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0426	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278	0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0246	0.0145	1.7022	0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066	3.2617
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112	1.4061
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duennndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408	0.5745
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0320	0.2267	4.4110
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627	1.7770
	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453	1.1830
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836	5.4469
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068	0.2852
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208	1.3873
	Duenn darm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889	2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961	0.5896
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538	0.6047
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0193	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573	1.0446
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086	1.6431
	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353	7.3931
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 10 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11				
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542,2540,2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumorgewebe überexprimiert	P52rIPK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH;SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13 - q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWIP		
38	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	stSG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDA16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2555, SGC32561)
45	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21-p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	stSG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429
52	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>B. taurus</i> mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des <i>R. norvegicus</i> intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovariumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089;;Cda01g10; D16S419-D16S415

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tetralricopeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredo	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131;; siSG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477;; Wi-14191; D8S269-D8S1789 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; Wi-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G_PROTEIN_RECEPTOR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTi;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602/WI-2775; WI-7265)
108	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal_histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Icln protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BIP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;; WI-30446
115	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-G1	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	in Ovariumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovariumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA_DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-
5 307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovartumorgewebe

20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgggatttta cccgggttta aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
tatgggttagg tccgggtttc caacttgga aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
ataaattttc cagcgggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
ttgcaaatat gcatttccaa acttgaataa taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
5 ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atggtcaact 360
gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaat ttatgctgtg tggaaacta actatatga 420
ttttaactta gttttaatat ttctattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10 aaagcacatt tgggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattagggt caaattataa 600
ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaatgctt gagtttccca ttttaaaatc 660
taaactagac atcttaattg gtgaaagtgt tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15 catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
gccaccattt aacccttctc tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgaagg1020
ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaaatttc1080
ctagattgct attatttggg tgaagtgtga gtattccaca gaaagtggta attatctctt1140
20 ctctcttctc ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca1200
cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc1260
tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc1320
acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttaa aaatattgg1380
catcttcaat cttaaacatt tctattttag tgattggttc tcacatatac ttctaaaaga1440
25 aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaaactg tgctgggtgt1560
ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgacccattg1680
ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct1740
30 aactcatttc caaacatgta ccattgttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tcgtgagaga1860
caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagtgg1920
tgcattaggt gtatctgat gatataaatt tgccctcctag ttcactttgt gtcaagagct1980
aaaactgtga acctaaactt ctcttattgg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt2040
35 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaaa aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
gtttcctggg ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaaggggtact2220
tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataa2340
40 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagacc ttggacctgg cagggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgacc ttgactgtaa gttgaccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttgtt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtgtt240
gatcagtgtg tccaagaagt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttaca300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480

```

cagggtcct tggcctacct ggagcaggca tctgcccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttgccac600
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
 ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
 5 gactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt ttgtcttta780
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc ttgtctgtt840
 ttaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagagg 120
 35 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctt ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaa cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg tttgttcaa aaacacagca gaggcagatg cttagagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagtga agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
 cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 45 tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttcct gtgccttaaa 780
 tatgtggttg gcaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtgtg tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaaagaa gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcattgt1020
 50 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggaataact atatagctgg1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcatgttta ctattgtt1140
 tcttaaaaaat gtccatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc1200
 tgatgtcttc tttgcggccg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga1260
 tggaaaatat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca1320
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc1440
 acattattca ggaacttaaa gatataattct cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct1500

```

tattctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
ctgacatgta tagaagtgtac ttaccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atataagagct tccgtccacc atctatgaag1680
ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgtg tgcattgctg aaggtcctgt1740
5 gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca1860
taaattttga tataaaacac gacctggatt taatgggtgga cacatatatt aaactctata1920
caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
ttaaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggagaagaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
10 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
atctacctgt ttaaatggcc cctggttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctgtt gatggcactc2220
tggaaattgtt tcagttaagt cattttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
tggagcctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
tacaaaataa gtgttgtgtt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttta2880
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
2901
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:
- 50
- ```

aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cggaagatt tcctaattc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttggtccc300
agcccaacat cagtgcctct gaggttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgtaa360

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgacag gaaggatgga ttctcccatt420  
 ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480  
 agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540  
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg tttctcact cttctttttt tccttctttt 60  
 atccctcact ccctccccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120  
 tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180  
 attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct tttttctctt agagagttat 240  
 35 gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttggt ttatcagcag 300  
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa ttgctactg aagctttatg 360  
 gcttggttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggg gaaagtcact gaaacactca 420  
 aggcaaatga ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag ttgacataat gaatatgaat 480  
 cccattggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatttga 540  
 40 ctcaaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagttgac 600  
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgtcct 660  
 gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720  
 tgtatgaaat ttttatttat atcagtgtct ttaataatga agatattttt ggagtaatgg 780  
 tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840  
 45 tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900  
 attaaaatca tttgaatatg tatgtctgta tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960  
 ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020  
 ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat ttctgagttt cagttcagat ttagatgac1080  
 aatataagct gccttcogaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtcattt tcccatggal140  
 50 agaagcccgt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200  
 tatttttctt attaattgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttcccttctta1260  
 ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgat gttgtttctt tataaatggt1320  
 tgagctgctg atgcaggat tgcgaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380  
 gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattcal1440  
 55 acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtatata taattgggtga1500  
 gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggg aaatactatc1560  
 cagttttgta gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgattttaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtag acagaaggta1740
gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc cttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttataa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtgggttttt gttttgttt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt ttttttttt ttttttctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
ctgtttggat tctatattag tggctcgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggctctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgtacatc2460
15 ataatgctgg ttttgctgac tttttgttt tttatatatt tataaaaaa gaaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgat tgtaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcttgataca ggtaaggaaa cagttggtea2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaaccagc attccccatt gtgtaataaa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

45 agttcggcac agagaaagta ttttaaccta cctgtagaga tcctcgatcat ggaaagggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttcccac cacacgaggg120
cttttgattt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttgagg180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggtc240
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgttttt cctagctcca taccacacac ctaaaacctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720

```

```

gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
aaaaaaaaaa 910

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

30 ggcagcgcgg cttagaaagt gcttctctgga ggcgagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattcct gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggt ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
35 catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtgggtcaa 420
 ttaaatcggt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttggttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaat ctgacagtgg ttacagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
40 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggcccc 660
 tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtgga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcaa 900
45 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
 gacatatttt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
 aaatgaaaat tatagcta atgtttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtgt1200
50 ttaaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaacaatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat ttttttgttc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:
- ```

agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgtg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
gaggaacctg aacccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
cccatgaaag ctgtgggact ggccctgggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttgg gtctgggggt cagacctgag gagcgtgcg accctcctag480
gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
35 aaaagtcgac c                                     671
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 803 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```
gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaatttctaaa gtaaaaccca aaggcaaatg tcgatggact120
10 gggtctcggg cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctcggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtgatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgcccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 ttagaggaac agttgcagga tttgatgtt gccttaaaga agaaagagcg tggcgaacga480
agaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
agcacttcca ggctgggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcgaagcggg ggagcggcgc tgcctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120
70 tggcgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
ccaagtcgca gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacggtcac240
tctcatgaag atgacaatcc atttgacagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctgcagatct cccacaaact420
atggacaaaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttggttcc tgggggtgaag540
```


tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtgga tgtagcaciaa tttccacact600
 gtgaaggcag tattagaaga ctttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
 gcattgccaa agttttttgtt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
 ctaagtaaaa agcctgggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
 5 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 20
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

30 ttggttttccg ggcaccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
 tgggtattacc gtgtgggggtt tcgttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120
 ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
 tagtgcttag ggtaattttt ttgtactgaa gctctttattg gtgggtgcat gctactggga240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tggttgattg aacaaaataa tatgtatttt360
 gatttactta aagtgtctgt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
 40 tgggaaccgc acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
 cttgtctaatt tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttgggt120
15 gggttcattt ttttgaatca accacacttc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaata gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact cttaaaggcct360
gggtggatca aattgctggt cagagggaa atacaggga atggtaatgg tagactcact420
20 aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgctactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggc catagtgtcg600
gatctcataa ctcccggtt gggggccggc gtccctccgg gccttccagc ccggcgtctc660
cacagcttgg gccgccggt cctcgccgc ccgggggtct ggctggagcg gctcgcccat720
25 gggcgccgtg acgctctggg agcctggtca gccgcgcaga ggccccgcac ccggggccgc780
ccgcctgcg tgtgcgcgcc ccgcgaggc ccgagtcct cctccgcaga ccgggtccct840
cctcccgcc gggctggaga ccgagccca ccgatgcgt ctgcctctgg accgcgagg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggtcac gaccccgac agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag 993

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaaatcctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gaggggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaattgtgc aatgtgtcaa gtagctgtgt ttacacgcta caacatagct cttttgtaac 240
5 ccaattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa ttttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgatcc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt ttcccccca agtttgtaac actccccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctgtgtc aatgtttcat tagacttaag aacctaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctgtttt ctagctgtta atgcactgtt gaccttcata 780
atgggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
15 atgctttatt aaggctcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc ttacatgtc 960
agtattttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtgt taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaataatc tgaccaatcc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtattttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacal1140
20 gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttgggt aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
attcttgtgt atgtatatatt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tattttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tgccataaaa ggaggtaaaa atgaaaaccal1440
25 taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggtctgg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggcacac1620
ctaagggtttt gattttgaaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggtatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagtal1740
30 gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt cccgaattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatatacal1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
35 tcatctcggt ttactttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaata aaaaaaaact2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 986 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```

gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggtactctg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaacct ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taactcttgc ctggagtgac actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caacttgtga ttctgatag aacagacttt acttttctag ccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgcttt taaaagtgt tatgtggtt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttgaaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga 986

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaat 60
50 ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca tttttttgggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtggt tgacaaagcg360
55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacggtatga tacctaaaaa420

```

gaaaaaagag ttaatcacct ctcttgata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

30

```

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcaaa gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcac gatattttatt taattttgtg ttttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcatctgag aacttgacaa tggttttttgc 420
ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggg 480
ctttgtctacc tcagctgaag gatactttct cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
tttgccctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttgtt atatttgctg gaaaaataca ggcttggttt 720
40 cttcttttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagtg aagtctttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggtat cctcatactt 900
ctcgttgtgt tctgagtcct tggctgaaca aaatttgttt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt1020
45 ttcttcaactg gtcacactga ggtctcacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140
agattctctt ttgctatcac ttgaacaaa acctgaacag ctcttctctac atcctttttt1200
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt1260
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaatgag tggaagttaa1320
50 gttagagagt cctctgctct cctgcaacte tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcctgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttagt1440
atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500
aagtacagta aaatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560
attagcaagt gaacttttg atctgaactt cagtcttgtt gggctagaaa atgatattaa1620
55 aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat1680
ttctaattaa ttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740

```

taa atggcac ttttaaatgg ttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gttttttttt gttttcttta aatttgatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta ttattccaa tgcaaatgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120
30 aatactttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatt gcagagttaa420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaca aacgcaaatt caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tggtctttct ttcctgccac aagacagggt540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatt ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

15 agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tggttggtgca ttgggaatga cattctttcc caccacagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
taccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcttc tggaagtatg ctatgtttgtg tatactttgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatag cattttttat gaaaaataaa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaattggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gtcctcaaatt cagttttca 659

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

50 cgcagtgccg agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcgccggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaa gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcacacctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaaggtct gttgattagg ctggggcg 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25
 cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgggcg gactccgctc agtttccggt120
 gcggcggaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc180
 tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
 30 cggcgaggct tttagcgagg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
 aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcaccc tttcgatgtg360
 gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
 gttggttctt gagtgaattc tgaatatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcctt ttcattttac actttgttac540
 35 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
 attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaaccac tgatggcttt acaggggctg660
 aatataaaag catttgtact taaagggtct gtgtattcat taagaaatat agtaattgtct720
 tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
 taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
 40 ttttgagagg agggggggccc aaggtgttcc tgggggttgc cgaggaggc 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaaag gtggttcgagg tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtgggtgcgt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120
15 gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgtat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggagggaaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
20 cctgggtggc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggta tttgccccca480
ctgtgggtgt atattgtgac cagaccccgg gagcgccca tgtagaaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
50 acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggc ccttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt ttgaaaagg 240
ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

aaactatcta aaatagagca ttttgggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggctct tctgtctggg 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tatttttagat agattaacat 660
taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttatct ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtggtgtat tattaaatag aaaaaaaaaa tttgttttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaag aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgccttctt tctcttttta agtggtcagc tgtggcatgc tcagaggttc1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttct1080
ttctgtatc caccaaagt gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat gggttggtat cactgtaaat1200
aaaaagaggg cctgggaatt ctgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggctct gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagttag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggac tcgcaaaagg aaagaggctc180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccaccaa cctgaaagg gcttaggaag ttgaaaggcc240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtctg ggattcggac ggagagcgcg360
aggactcggc ggctgagcgc gcccagacgc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc420
gcattegcac gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgact gaccgtgact480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcttcaagcc gtcggattcc ttctctgccg540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccggaca ccacatcggt tccattgagg600
tgcaaggga gagtctgacc ggccctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa \ 694

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```

25 gcgagatattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
   agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
   tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
   cagcccctac cccagagggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
   tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
   acttgtctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cttttttaa aaacatcagt 360
30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
   ctgcgtagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaataa taggtcctac cccaacgaca 480
   cttacacaga gccaggtaca gtacctatta ttaacaggag gcatagctta aggaggaacc 540
   acatcaaadc ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagcccc 600
   aaacgaagac acccactg agtaggggtgc atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35 agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
   aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
   tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcaactgat aaggctgtca 840
   cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
   gaccccaactg cagccctgcc cagcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga 1020
   gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcc aaggcactgg 1080
   ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagagggtgc 1140
   accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagcaa 1200
   agcagccccc attgaggttc caaggtcggt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca 1260
45 aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca 1320
   agtaaacata aaccacaaa tacttagaaa aggttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc 1380
   tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt 1440
   gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct 1500
   ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctgggtccg 1560
50 gatccttccc ccgcatgttc atagacggag agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag 1620
   ctgagttctg tgtccctcca ggcggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta 1680
   gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt atttgtttct tgattgacca ttgccaaagt 1740
   ctgagtgaac atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaaag agccccccag 1800
   acacgtcatt cagctcagag taagacccca gggttgaggc aaggcagtac agcttgca 1860
55 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtcccat cccacctga 1920
   ctctcct
  
```

1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 672 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
25 gcctttttat tttttttttt tggctggtat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
   cagttaatga ttgactaact cttggtgttc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
   agggctacag cgctgctttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
   aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacatca tgggaaacac cttccctttt240
   cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggttc taagggtcca agaagtctca360
   ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctggaatc gccagtcaa aactttctaa420
   cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
   gaaaactggt gttaccacaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
   tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttaggggt tcttctcttt cctttctctt600
35 tgttttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
   ctcagagggt gc                                     672
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 269 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgccg cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg gggtagaaca ctcactctgga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc cccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggccagaa120
tggtacaaac agtccctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgtct actctccgga tctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360
45 tcaccttcgc cttcatcacc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttcctct420
ttgggaccc cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatggt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

- (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

25 ctttaatgtg cctagagcaa tggaaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
 ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120
 gttcctaacc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180
 tgggtcaaac tattgagtc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
 actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
 tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
 tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggt tctggcagg420
 gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
 30 actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
 gcaggtttca ccctcaacag ccaggtgcag cagaccattg ccctgcggtg tgcgtgcagc600
 aagcttgga tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gacctcttc660
 aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
 35 tggctgtgct gcgtgttggc ctgaccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
 c 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 304 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgetttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
cggatccatg gtggccacc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccgggcccgg gacaagagaa 180
gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaataca ttcttttaa gcagtatgca ggcaaataa tcctctttgt 300
45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttggg ccatttggct tggctattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac cagggtgggg 480
ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
attctacact ttctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
50 ccgcctcttt tgggaaccac tgaagatcca tgacatccgc tggaactttg agaagtccct 660
ggtggggcca gatggcatac cggttatgcy ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgagggc gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
actgatgcc ccaccctacc cctaccccct gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840
ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctaccccccac cccagattct ctttcttatt 900
55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtgtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaaccctg aacatcattc1140
ttggggccag catctccccc atgcccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttcct1200
5 gaaggaccct cctgagcccc caagcccatc ccacagtgtc cctgagacca gccaaagaca1260
ctgtgagcgc gatggcctg taccacaggt caggggtggt gtctctatga aggaggggcc1320
cgaagccctt gtgggcgggc ctccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgatt1380
caggcttagg ctcccaggca gggacactac ccccgccct ctggaggaca tgctatcctc1440
tactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgccca gtaaaggtct ttctgcagca1500
10 aaaaaaaaaa agaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1528

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

35 ggcaggtctc agcgtcctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cctcccagaa gcccggtgtg ggggcgggcc acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180
aagttcaggg ccggtcggag gcaggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgctg300
gtcccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaaaga gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gccctggaca420
gggctcatta aaccttcctc tctgcctacg agtaccaccc acctggagct aagatgctta480
ggtagggggg ggccgccga 499

```

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcgggaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga gggttcgggtg ggcatcgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtctgg 120
aaagcgcgag tctgagtggg accctggagc acttgagag cggctggcgc agtcatggcg 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtcg gatagcagac 240
aataggccta gtgttggaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctcga catcaaatac acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggt agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggttag aagggttaag tgaagatggt tttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaattccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
gccttctagt aagggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgacct 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttgaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtgggtattt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttgagatt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacg aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag1320
cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
ttgtcccggtg ttttgt 1396
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```
10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtcct tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
   ctgcaaccag actccttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca 300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggaac 360
   caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc 420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac 540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca attttttaaa 600
20 gccactatgg attttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt 660
   tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa 720
   taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
   aaagatcacc cagggtggaa gaggtgga 808
```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat cctgttttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tattttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gtttaacccg 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttctctccca tgggagtcac aaaaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatggt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggt gtctataaat ggaattggct 360
```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaagttag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagc cgggtcttctt 600
5  tgggtataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagtcca tggagaggga ggaaaaggct gtatctctgc tgccttggtt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttggtg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggctctcgcg ggcttcgagg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaal020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgcct ctttctgaga1080
caatgcacatg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt cgggtcgccg cgggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaatgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgttagcagc 420
tagtgacagta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tccataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtacgagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtcct tttacagggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccattttaaac aggggttaatt tggagaagac 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctggtgc tagaccaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcaaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgall140
caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgccca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 .tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgaggttgtt1380
tcttctctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaaga1620
10 cctgggtttt aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac ccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaal740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtggg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tggtgactac ataaagggga aacaaggga1860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcgggtacc2160
tacacggata atatcgc 2177
20

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

45

```

ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggttaatcg ccctggcctt ggctgccctc cttgttgttg acagggaggt gccagtggca120
gcaggaaaag tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tggtcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccgat aaaaacaaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tgagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catcccatTT ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atgggtgCGa ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taaaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcctgaa ggggtgaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaatTaga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaacacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtTggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtCag aaacactctc taaagtGcaa aactgatggt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgccta 660
gttaatttag gaaaaggGaa aaataaacca aactcaagtc ggtaaagtTt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatac ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcctgtgtg cttcctcttc1020
40 atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgcctgatgt tgtggtccta tccgttccag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc acctttgaga tttttcctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc 1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

```
atttaaatctt cattcttctta ctatccccc aa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaaataa gcttcaaaac tgactttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
actcagacc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctcagccaac aacatatattc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacgggag acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttgccc 660
tccaccatag actaccatca gcaatagaag gcctacacc agtttcagca ctactact 720
caagtacaat agtagttgca ggaatttttc tactgggccg attccacccc ctcacgacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatttgtgc tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgcttctctt acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaccaaac acacctagca ttcctacaca 960
tctgtaccca cgcattcttc aaagtatac tctttatatg ctctggctca atcattcata1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattca1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35 tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattct cattaacgaa aatgacccag1320
acctcataaa cccaatcaaa cgcttagcat tcggaagcat ctttgaggga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tctcacaat accatgattt ttaaaaacca1440
40 cagccctaatt tatttcagta ttaggattcc taatcgcaat agaactaaac aacctaacca1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctgggggttt1560
tcccatctat tattcaccgc attacacca taaaatctct caacctagc ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctggttag aaaaaaccat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
45 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatc cgcgaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacacta tatattgccg ctaccccaat ccctccttc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatal atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactcaa cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacct tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
50 aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaacaatc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac cctaaaacca ctaaaacacc aacaaaccca ctaacaatta aacctaaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa ccaagacaa ccaacaaaaa ataatgaact2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
55 gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgcccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaag agtccaaatc attacaggtc2520
tttcttagc catacactac acatcacaga caataacagc cttttcatca gtaaacacaca2580
tttgtcgaga cgtaaatcac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tectccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctaggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aacccgaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gagggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttcttccata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaaa acgatcgggt3540
gacatatagg gc 3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt attttctaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgcctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcaggttta tttcaaagtt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggtcgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagttta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggta600
a 601

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

25  agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
    ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttggtacc caggctggag tgcagtggcg 120
    tgatcttggc tcactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
    cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagaccog gctaattttt tagtttttagt 240
    agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctcttaa tgaccctctt atttttaact 300
    tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg gggttgatttc 360
30  cccactctcc acaaaactctg aagccagtgt ctgacttact aaaaaagag ttgtatataa 420
    tatttaagat gctgagattt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
    tctttttttt ttttaatccc cttctaatag atgaaactag gggaatttca ggggacagag 540
    atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
    tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
35  tcataactca gtaacatgaa cttgcccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
    aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
    tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
    acttgactat atatgttgca tctgtgctc cccttcata taatatttga taaagatttt 900
    aattttatga aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagctttt 960
40  aggataggca agaccctgta tgaatagtag caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
    tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaal 1080
    aacaaagggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg ctgctgaggt gtgtaaatat 1140
    aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
    gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaaggt ttttatctgt gtagaatggg 1260
45  tgtttgactt gttttagcct attaaaattt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
    acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
    gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
    atgaaaagcc tctcacttga acccaacca gactactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
    tcaggaaaag cattgccagt tcagtccttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt 1560
50  gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaatttg atagtataat 1620
    aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
    acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
    actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag 1800
    ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
55  tgggtgtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtattttatt tattttattac 1920
    tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgccctg aggatgtact 1980
    gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaatctt acagatctgt tttgtacttt 2040

```


ttatactggtt ggatacttat aatcaaaact tttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 623 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaacg gcggcgccgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
gtccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
cgcgagcgac agaaactaga gacccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggg gcgcacccgg360
35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctccgatggc caagccatga aggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca ttgatgatc600
ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtcga tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggtcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgtatgaa ggccatgcaa 240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg 300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg 420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctaccccgc tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tggtgtgagg actaccattt 660
tggagaaggt tctgtttgtc tcttttcatt ctctgccag gttttgggat cgcaaagga 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa 781
a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```

50 gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct aggggcccgg 60
aagggaaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctccgtagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

```

tcaatggctg ttaacaccta gcagggaata tgccaccaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttggagc 420
attgtgtctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca tccacctat atgtacttag caggagat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattgggtg gacctttgca gccatgggtg gagctggaat 660
gctggtacga tcaataccat atgaccagag ccaggccca aagcatcttg cttggttgct 720
acattcttgt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtctcttct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtgggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgcccgat gaaaagtctc tgaacatggg tgcaccctg ggagtgggcc tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccttc tgtatgatac1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatattgatcc1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtac tcagcttctg gcttctctgc1200
tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcgttgaagt ttagaagata agaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgt tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttcactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaataac ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttagggtgagg1680
25 gagcccggta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:
- 50 caccceccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccgtaggc agtctccacg 60
tggtgaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccg cggaaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
gcctcggagc tgaagcccgt actcaagatg gcggtccgg gcgggcgtgg ccagtgacta240
55 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggcgccggac gagcgagtc cagagggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caaggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
tggttatatt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540
aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
5 gaaggaagga gaagaaaaca taggtgggtt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
ctcctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgtt720
agcttcagcc ccagataaat ctttgggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
gttcaaaccg gggtttggtg aaccggggga acccattgcg ccttgggaat t 831

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

tgaagttcta agagctttcc aagtttggga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
35 tgagcatgaa cggaaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
atataggacg gagtaatctg ttacattctt gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggtgaagct acaggcaaca ccacttccgc300
gtttctcttg cgccctgggt caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
40 atcccgggtg tgaagactaa cgccggagcc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
aaggaggaat atcagtccct tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
tggttccgac tggagtccaa caaggaaagg actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatc540
catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcttatcac atatcctact600
actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaaq aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
gggagagcat caggaagagt agct 744

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgct gcgcgccgcg ggagggcgctg 60
ggccggcgcc ctctgcagc gggcggcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatca cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgactt tggtggggac 360
ttggaacacg tggatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acagatgggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattgggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtctctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgtgaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt1080
ccttgtcgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac1140
ttctcccccac cctcagaag ggggccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaaa caaatctgtt1260
ttataatcac agatttttag acaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
40 gtttctcaag cagtttttct gagtagttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
45 gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtgggtgat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtccctgtg aaatgaacaa1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
50 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2017
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20
 cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
 tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcgl20
 cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
 atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
 25 agtaccacgc tggctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
 taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttgttcc cgtataaagg360
 atatatctgg aactatggtg ccatccctca gacttgggaa gaccagggc acaatgataa420
 acatactggc tgttggtggtg acaatgacct aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
 atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
 30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
 taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
 gtttagaagg tataagggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgcgt ttaatgcaga720
 atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaanaag actcatgacc attggaaagc780
 attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
 35 gccctcaaa gtgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgcag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagtgt 60
 cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccagccg120
 10 aatacaacat atctccggaa acccgggcgg cgcaagcgag cgggtggcca taagagccca180
 gctgaaacga gactacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
 tctcgcttg cttcggtggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
 cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggcccctca tcttcattta360
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
 15 tcgaacattt cacctctcat attaatgctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
 ataatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
 ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
 45 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
 gtaagaggct gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag ccccatTTca gcattagccc 480
 50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggt tctggtggtt ttgttcttta 540
 tcgttggtgt aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
 tggattgggt gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
 aattaatgta tgatgacatc tcacaggtct tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaggtt aaaaatgtat 780

```

5   agtaactgat  tgagggggaa  aagaatgata  tttattaatg  acaagggaaa  ccatgagtaa  840
    tgccacaatg  gcatattgta  aatgtcattt  taaacattgg  taggccttgg  tacatgatgc  900
    tggattacct  ctcttaaaat  gacacccttc  ctgcctgtt  ggtgctggcc  cttggggagc  960
    tggagcccag  catgctgggg  agtgcgggta  gctccacaca  gtatgcccc  cgtggcccac  1020
10  tcccggccca  ggctgctttc  cgtgtcttca  gttctgtcca  agccatcagc  tccttgggac  1080
    tgatgaacag  agtcagaagc  ccaaaggaat  tgcactgtgg  cagcatcaga  cgtactcgtc  1140
    ataagtgaga  ggcgtgtgtt  gactgattga  cccagcgctt  tggaaataaa  tggcagtgtt  1200
    ttgttcactt  aaagggacca  agctaaattt  gtattgggtt  atgtagttaa  gtcaaactgt  1260
    tattcagaga  tgtttaatgc  atatttaact  tatttaatgt  atttcatttc  atgttttctt  1320
15  attgtcacia  gactacagtt  aatgctgcgt  gctgctgaac  tctgttgggt  gaactggtat  1380
    tgcgtgctga  gggctgtggg  ctctctgttc  tctggagagt  ctggtcatgt  ggaggtgggg  1440
    tttattggga  tgctggagaa  gagctgccag  gaagtgtttt  ttctgggtca  gtaaaataca  1500
    actgtcatag  ggagggaaat  tctcagtagt  gacagtcaac  tctaggttac  cttttttaat  1560
    gaagagtagt  cagtcttcta  gattgttctt  ataccacctc  tcaaccatta  ctacacttct  1620
20  cagcgcccaa  gtccaagtct  gagcctgacc  tccccttggg  gacctagcct  ggagtcagg  1680
    caaatggatc  gggctgcaga  gggttagaag  cgagggcacc  agcagttgtg  ggtggggagc  1740
    aaggggaag  agaaactctt  cagcgaatcc  ttctagtact  agttgagagt  ttgactgtga  1800
    attaatatta  tgccataaaa  gaccaacca  gttctgtttg  actatgtagc  atcttgaaaa  1860
    gaaaaattat  aataaagccc  caaaattaag  aaaaaaaaaa  aaaaaatact  gc  1912

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:
- 45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tttttttttt tatgttaaat 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaagg aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accattttccc caaggaatac ctcttggcat ttcttgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaataac 300
atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact ctatttaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
tttattttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaaca aatctttttc tggtaagag aaaaaaaaaa 600
aaaagaaaca gcactctgca tgcttctctc tacaagatga atttccctag aaagaatcca 660


```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gagccttaaa 780
ccttcacatc tcaggtgccg attttcttct gatagcttca tcatctctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttgtttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
5 ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcaatttgga atccattaat1020
tcacacaggt ttgctctctt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggtgtt1140
agcattactg aaacagtcac agttgaccct ggggtcaataa ttccactgtt gggcctcacal200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttctact ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gatttgtagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccttgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg gggcggtctg ctgcgtgggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttggtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttggt ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttcta1740
atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20 tatgtctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttataattg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggtcgcagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
50 tggacgtgga atgggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtacgggac 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtc cccaaatata ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagt acttgatca atcaaatgt actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtgaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggagaaa 480

```

```

5  gggatttgggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
   ccatcatttc cggaagccag caaatgatata aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600
   ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtggcg 660
   cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgtctct gtcctgatg tggatgaccc 720
10 agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggg tcctttgtga 780
   acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
   aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
   gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
   attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
10 gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
   cagtttaaag ctttcacttc atttgtgttt ttaattaag gatttagaag tcccccaat 1140
   taaaaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
   atgggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaaatact 1260
   actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat ctttttcac 1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
   gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
   ttgggtcca aattataa 1458

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

45  gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc ccttgaacc 300
   ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctgggt aagccaacct gaattctact 360
   cacctgggag tggaaagtat tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatgggt 420
50  gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
   ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggg ggagctgggt 540
   atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttcgtg 600
   caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
   atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtgtgtg acacatgaag 720
55  atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
   tcttgaattc tactcctgga ggcggtctct gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

```

5   gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggagaatg ggaatgggga 900
   acaattacag tggaggatat ggtactcctg atgggttggg tggttatggc cgtgggtggg 960
   gaggcagtgagg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgagg aggtggatgg cgtgggatgt1020
   actgaaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctgggtct actagacttt1080
10  cttacagatt taatttcttt tgtattttaa gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
   tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
   ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
   tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
   tactattagt tctacaagaa gtagtgtggg gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
15  cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
   ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct1500
   tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaatg tcatttatca1560
   ggcatagctc tgaaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
   gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gtagtaaac1680
20  ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaa aattgatagt tgcagggtat1740
   cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggt ctcaagtaca caagaattca gtattaagta1800
   cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgccaata1860
   gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
   tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag1980
25  tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
   tatggctttt ttccaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
   tattgaactt gttacttgtt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2188

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

50  ctgcctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
   caccgcgcgc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
   ggccccagtc accatcaccc caaccatgag cagcgaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
   ggcccccccc gcggcccccc cctcagcgc cgccgacac aagcccgga ctacgggcag 240
   cggcgaggg agcggtgccc cggcgcgcc cacatcggc gcgcctgcc gcggggacaa 300
55  gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
   tggtttcata aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
tggtgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
5 gggatcggag agtgctcccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctga caaccagggt gcaggagAAC aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctccctcgcca 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagacca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
agaaaacctt aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctctall140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgcttttt gcccggtgac cagataaata1260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttacctt aagacgtctc1320
tttttggtaa taacaaacgt gttttttaa aaagcctggg ttttctcaat acgccttta1380
aggtttttaa attgtttcat atctggtaaa gttgagattt ttaagaactt cattttta1440
ttgtaataaa agtttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaagggt cttaataaat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45 ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctgagcctcg ccgctgctgc cgccgcccgc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcagtga 240
taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtg tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttggA 540
aaagtctctg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggtattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
tgaactcccc cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
5 ggaggggaaa attaacgggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020
agaccatttg tcatccatgc tgtccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt ttctgtcttt gaggggaggc1200
ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgagggtgtt ttgg 1254
10

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```

35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttctttttt ttttttgtga gagcagggtc 60
actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120
tccttaatcc agtccacata gttgttagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg180
gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacaggggcca240
40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agccccacaca gaacatgttg300
ttgtaaatct ttccagggtg ggagggttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420
atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540
45 ctgttgattt tgggggtggc gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attccctcc600
aggacttcga tgttgtgtct tcccagtcct acctggatgc gggacttgta gcagtgcacct660
gctgacacca cccactgttc gctgatggg cagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca780
tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
50 atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccctt ctttatacct cccgaggatg900
gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgtctctc ccagcacaaa caca 954

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

ggcgggacccg cccgggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cgggtctcgtg ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag tagggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gagcgagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgcc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtcg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgccctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgttcatg ttccagcgag tgctgggtgtc tctgtcagct ggtgggagg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccga 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaaag gatatacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcagtag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
40 tgggcaccga tgataacacc ccatcagag tgatgggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tggtatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcatcaagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
ataaaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcatt tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatttgaaa1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccc tccagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtttttc atgggagact tcttctatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatgggtat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaaccat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaat aagcttcaaa ctaggtattc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgactg tgcctttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttga ttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```

cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatgggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
taattgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
30 tcttcaccta gcgcagtcaa tggagaatgg cttaaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgtttccac accattgaaa cctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaaggattg cccagctga tggaaagtag gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggatc tctcaagcct cagagtatga 480
35 tgaccctcca ggccctgagg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540
ccattcagca gcagctggc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atctgtctgc 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgcta tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
40 tgcaactgctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
tgaatttcag caacttcctt accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttggaat ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020
ccacatcttg aggctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc1080
45 ccatcgata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga1200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtctg tggttccttt1260
gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccaac1320
taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380
50 cgaccatttc actcctaata taaagggtga catgttgagt gaaattaaca ttgctcccc1440
gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactggtgct ctatgtcggg1620
atcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
55 cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttgacac tgaggggtcg1740
tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800

```

```

5   ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
    atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctcttctt1920
    attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
    cactgtgccc cagaaatcga aaagtatttc cagtcggtcg cacagtgtcg catgggacag2040
10  aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
    tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
    tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccc actactgttg2220
    ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
    tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
15  ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt ttgtgcaagc gtgtccaagg caagtacata2400
    aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagctc2460
    catgtcttct gacattcctg gtgtcccaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
    taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagtatt taaaaatgtg2580
    gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctactattg gaatcccatg2640
20  agtttccatt ttgtctctac ccaaacgtat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
    tttcttttgg ggattatata cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
    ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
    gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttag gaaagggaac ccaaaccgcg attaatg 2878

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

45  atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaatctta aaaagtaatg ggatcttttg 60
    acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaatcttaa ccatattctt ttctagttaa120
    agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
    cgagagccct gtcattctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
    ttgggaaaaa gaggtacgtt agtggttcgcg atttttaaagg caaagtgtcta attgatatta300
50  gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaaggg atttctttta360
    atccagaaca atggagccag ctgaaggaac agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
    aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
    tttttacatt ggcttttggt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
    aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
55  taattgtcaa cttttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
    aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```


2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gcctcgttag ctgtgtgatac agggaggagg cagcaggcgg120
gaacccgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tggttcaggal80
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300
atggaaatca aattagggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360
ggacaaggga gcaactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcagggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaag cttttgttat ctttggtatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
35 tggagtacga gccggtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aaggctcggag aaccaagttc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
ttgatgaagg ttccgcctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
gcatttcctg atttcctctg tggtaataaa agctttc 817

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtccattgac 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaata 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caaggttgga tggagtactg ctctgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggtctt actgaagtaa 780
25 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gtcacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtacat ttgaagaata 1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga 1080
30 acaaagaaaag cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg 1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt 1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag 1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctctagtgat ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag 1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg 1380
35 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg 1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata 1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaaacaaat aaacaaaact tcagatcaat 1560
cagctaataa taataatgtc ttacaaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg 1620
cttcagtaaa cacagacca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatacactt 1680
40 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaa 1740
aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaac actcttgca gatgagaa 1800
caaaaatgcaa taaatgtgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatg aaagaacaag 1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac 1920
45 ttaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatggtgctt 1980
tttaccaga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca 2040
atgttgctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg 2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac 2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc 2220
50 tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatt atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa 2280
gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagcg agcagttccc tcctgactat gaccagcagg 2340
tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttaa 2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa 2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga 2520
55 ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata 2580
aattttaatc tctgttaatc ttacaaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat 2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgctcctccc gccgccgcgg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttctttttaaa tcccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc aatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaa240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggtcgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggccc cccgcccacc600
gtgggcagtg ccccccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaacccaa accatgagaa660
tttgcaacag gggagggaaa aaggaccaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtactttaaa aaggaaaatt gtttgatgtg tctatttaca ttgatagtg ttgtacatat780
tgtaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggttggtga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt                                     922

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10

```
ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct cccccgccc gccagccgag gcagctcgag ccagtcgcgc120
ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
tacatcgaca acctcatggc ggacggggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct300
gaggtgggtg tcctgggttg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
ggggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgctg aggatgggga atttagcatg420
gatcttcgta ccaagagcac cggtggggcc ccacacttca atgtcactgt caccaagact480
gacaagagcg tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtgggtt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggctgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tggttggaaa780
acttttgttt ttgggggttt tttttttctg aataaaaaag atttactta acaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg                                     870
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```
ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatagaagt gatgggtggg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtgcacct gaagaaattt aagtctatcc 180
```

```

gtgagacccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacctc cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccagggtccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcattg tgcaggaggg cgccctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg ggcagatct actgggcgcc tgtcaccag gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgcccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctctgaaact 1020
15 gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga cttcatcat caatggtgtg gagttccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctcagtaaca acggctactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctccagaac ggcagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttcctcaggt 1200
cctactatc cgtctacgac ttggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgcctgct cgacacgtgg gctccccctt tctcttgac cctgcacct cctagggcat 1320
20 tgtatctgtc tttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcatcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacct 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aatacccaga tgcctgtggc acatggctaa accctgacct atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatga ggatgatgaa gatgatgacg 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgat cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggctcactg 600

```

```

5   attttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttctactcc agttgtcccc acagtagaca 660
    catatgatgg ccgaggtgat agtgtgtgtt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
    gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
    gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
10  ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
    ctgaaaccca cagccacaag cagtcagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
    atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020
    gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tgggtgtaga ccccaaaagt aaggaagaag1080
    ataaacacct gaaatttctg atttctcatg aattagatag tgcattcttct gaggtcaatt1140
15  aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaa atgctttata1200
    gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta1260
    tttgagtcgt gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggt ttcattggaa1320
    ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa1380
    actatcactg tattttaata ttgtttatc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaa1440
20  acaaaatact ttacccact taaaagaga atataacatt ttatgtcact ataactcttt1500
    gttttttaag ttagtgtata tttgttgtg attatctttt tgtggtgtga ataatcttt1560
    tatcttgaat gtaataagaa ttgtgtgtg tcaattgctt atttgttttc ccacggtgt1620
    ccagcaatta ataaaacata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaaaga gaaaagaaa1680
    aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag                                     1712

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273Basenpaare

25 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

45  accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcggga ggggtggcag cggaaggca 60
    gccagtttc gcgaaggctg tcggcgcgcc gcggcccgca ggcacccggc acgcgccttc 120
    cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
    ccgccaagg gccgccaagg aagagcccaa gaggatcg gcgcggtgt cagctaaacc 240
    tcctgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
50  aaagtgcaaa caaaaggga aaggggagca aagggaaac aggccgaagt ggctaacca 360
    gaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gactccagcc 420
    tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
    cagtggctccc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaat atttttatca actattttgt 540
    aaatgcaagt tttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat cccacctcat 600
55  ccattttttt aagtgtaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttgtttat 660
    tttttggtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

```

```

gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaacg 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttggtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
ggctctctct gccagaattg tgtgcaactt gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttcct 960
5 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt 1020
tgagtgtgga actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctgggtacttg 1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt 1140
taaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt 1200
10 acaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa 1260
aaaaaaaaa aaa 1273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca ccggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcgg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggtgg ggactgcacg tagcccgcg ctcggcatgg 120
ctctcctggt gctcggctctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgac gaattaaact catcaaatt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggt tggctactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgctcct tgggtgtggc actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
tatttcagaa agcgagctc cctgtggatt atgacggtgg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg tttcttgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaa aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc 1020
75 tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctgal 1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc 1140
agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgccal 1200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagtgag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcggg1320
ctttccctac catcggtgag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgagg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gaggttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggaat tttccagca1500
gtgaaggagc attctctaca ctacagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattgtt gtagccgggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgga1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800
ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgttttagcag taaatcaata ttttgaagt atacacagat1920
gtctttctct cccacaaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tcttgcccaa tatttgtcct tgggctgtct ctagtgacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgttaact2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:
- 45
- ```

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagtgag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaaagag aaagagttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagttaa 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatggt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaagggtc taggcgatca cggcttagat ctccataaaa 660

```



```

atcaggaaaag aagtcagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaa agcattccctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcattggt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
ttttgtttta ggatgttgtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgta1080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttggtt1140
ttttgcccc cgggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagtctcac actactgttg1200
10 tgccttcttat acctgatgca ctttataaag cccagtggtc aagtagctta agttttatat1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttgggtg tttgctaacc1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggtal380
gatattggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaattt1500
15 aaatatcttt tcatctctc tctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
aacaagggtt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ctttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
ttggtccccc cccactcc caagagactt ggggttagtt atagcttta gtaaaattal1740
aaaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaatca aggtgcaaaa1800
20 agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagg1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaa aaaaaaaaa 1959

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gccoctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aatttttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaattttaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55 acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaa 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgtaataat 540

```

```

aaagtccttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataaggatt 600
tcgttgcaac gctatttaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagttctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcggg atactcaa atactcaaac atctttttaa aactttgatt 840
tatagtcctt agaaagtatt gttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
ctcaaagtga atgattttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt 1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac 1080
10 actttaaacy aatctcaaga ggggtgaccat tgtgttttca gataccatcc ctaaggagag 1140
tgggttaacg gaagattgcc agtggtactg atggaagaa gtgtttgttt gttttttttt 1200
cttgtcaaaag acttacacca tagtttttaa ttaactgtc aggcattttc tcagacaggt 1260
tttctttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaa catgactttt gactgccact 1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
15 tgagtccttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt 1440
ccctcaaaga tgaaattgac aaatttaaat tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc 1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agtcctttat 1620
ataatatgga accttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtacggttc ttctgtgtc 1680
20 agctcaatag cttgctgctt tttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt 1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttttagc 1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttcc 1860
tgatcttgat cgccccctga tgcattctca tctcttctct ctcatcatc ttctttttcc 1920
ttctctttct ccttctcttt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata 1980
25 tttggagggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat 2040
ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tgggtgtgga ggcatactg actcatctat 2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgactc ctggaggcgg cttggctctt caataatggg 2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctggtgctgg tctctctag gaacctctgg 2220
attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctcctctt tctcctttt 2280
30 tctaaggctt tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagctgtt 2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctctg tctctttcca 2400
catcatcaat ttcttggtgg cggtgccaga tccaaagtag taacaatctc tgaataatca 2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc 2520
ctcttctct tggcttttgt ttctttaaga gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct 2580
35 tcttctctat ttggaacaag tgttgtttga tcaatcatgg ttggcattgg ttcaacggga 2640
tccactgaat caggactatc aggccacccc attgatacat tatcatctc atccatatcg 2700
tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc 2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc 2880
40 agattgctgg tgctctgttc agactcta ataggagttag aagtagtagt gcttactaac 2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatattct cagcatcatc cattccaaa 3000
tcacaaaat catcttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttata 3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgcgtggcca catcgatgtc atctaagtc 3120
ggcagtggtg gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaag taatggcatt ataagctgct 3180
45 tcccgatttt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccgaa aagccatctt tatcttaag 3240
aatgcttcat tacagtctgc aagaaggat ttggctttcc tgtgatagat tcgaactact 3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttggtga gatgatactc 3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca 3420
atggggcgct agccaaattc ttgccagagg ccctctttta ctgagaacaa aatgtgcgta 3480
50 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgcctctccg tgggagttgg 3540
gcgggctggg tggcccgggg aggggaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggga 3600
gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgcccc cagagccggc gcctccttcc 3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaaaccgc ggctcttc 3708

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

60

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
20 gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
 gaaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
 gatactggaa ttggaatgac caaggtgac ttgatcaata accttggtag tatcgccaag 180
 tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctggtg cagatatctc tatgattggc 240
 cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
 aaacataacg atgatgagca gtacgcttggt gagtcctcag cagggggatc attcacagt 360
25 aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
 gaccaaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
 tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
 gatgaggctg aagaaaagga agacaaaaga gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
 gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggt 660
30 gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
 acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
 tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttgccag tgaagcattt ttcagttgaa 840
 ggacagttgg aattcagagc ccttctattt gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
 gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35 aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggt agactcggag 1020
 gatctccctc taaacatata ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc 1080
 aggaagaatt tgggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag 1140
 aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac 1200
 tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtact acacatctgc ctctgggtgat 1260
40 gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat 1320
 tatatcacac gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg 1380
 aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag 1440
 ctgaaggaat ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca 1500
 gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc 1560
45 aaaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg 1620
 gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga 1680
 atcatgaaag ctcaagccct aagagacaa ctaacaatgg gttacatggc agcaagaaa 1740
 cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct 1800
 gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcatcttgc tttatgaaac tgcgctcctg 1860
50 tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc 1920
 aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta 1980
 actgaagaaa tgccaccct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac 2040
 taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata 2100
 ttttcaagga tgtttttctt tatttttggt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac 2160
55 tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact 2220
 aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta 2280
 acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtgggtctaa agtgtttagc 2340
 tgtcaagccg gatgcctaag tagacaaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct 2400
```

```

5 tgatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
 ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
 gatggaagga tctctccaca gggcttgttt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
 agttaaaagc ctacctaaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtcct2640
10 gtggatggaa atgtagtgct cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
 gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
 gttagtgccaa aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tgggttaaca ctagctgctc2820
 caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcaggt gtggggtgga gcacatgtag2880
 gcacagaaaa caggaaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
15 tcttagtgct cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
 acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2815 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

 cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgga 60
 gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
 aatgatacag gacacacaat gggatgatcca ttcatgttgc agcagtctac aaatccagca 180
40 ccaggaattc tgggacctcc acctccctca ttctatcttg ggggaccagc agttggacca 240
 agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaggc 300
 agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
 taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaat 420
 aaaattaatg aggcatttat tgaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
 aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
 gagcttggac gtgtgataca tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
 gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
 agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
50 ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
 aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
 cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
 gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccggtg1020
 aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca1140
 gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttagtgta tgtggcttct gatgggaaaa1200

```

```

5 aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
 agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal1320
 atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac cagggtctga atcttctgag aacgctgatg1380
 atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atgggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
 actatgtgat acctaaaaaca gggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
 aagaagtgc aaagaatact cattgcagca gccttctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
 ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
 atttaagtat ttcaaagaaa ataatggttc tttgttttta atgttaacct tttttaaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
 tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaatata catatggtta agttaatgaal1860
 tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
 agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaal1980
 atttagtagt tccaagttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
 agactttcat ttggagtgtg aaccctgttt ggttgcatth catttttggg gaacttaatt2160
 aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgtgtgtt2220
 aggtaataag aaatatgaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
 tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
 tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
 ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgccat aatcctagat2520
 gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
 aatttgtgtt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtga taccataaaa aagaaaaccc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
 gaatgttaac caaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
 ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

## 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
 agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcagggt 120
 cccgcccggg agaagcgacc aaagcgcttg aggaccggca acatgggtgc gtcgggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccccttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcataattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaaagtgg gacagaggag atggccccct tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaata tggatgat atcttttaga ggtgaagatg gggtggatga aatttattca 840
ttcagtgaaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagtgtgtg atgcaaaaac ctaaaaaaa 1020
15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaattgat atgatgaaac tgaagtttta 1080
aaaggagata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgaata tagttccttt ctctaaagt 1140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag ggaagtgtct tctctgtttt gggattttgt 1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca 1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttccctcc tgattcatgc tttggatgac 1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaattc tcaagtcggc 1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc 1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc 1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccatgagctt ggcaaaagaa 1560
gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga 1620
25 tttcagagat tatttcagtg tctgtgcac agagctttac atccccggga gcctctaccc 1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt 1740
cagattcctc tctctaaaat aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat 1800
caagtgactg ctcaggaaat tttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaaa 1860
ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc 1920
30 acctctgttg gaagtgtgaa tcctgtctgaa aacttccgtg ttctagttaa acagaagaag 1980
gccagctttg aggaagcag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact 2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcattc gagccttccg ggaagaagcc 2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttctga aagcccttca agagaaagt 2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgatc 2220
35 accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc 2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggtgg tgatgtggac 2340
gatttatttg acatgatata ggtcgtggat gtatgggaa tctaagagag ctgcatcgcc 2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat 2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg tggaatgaat 2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatc aagtttataa agagtcattg 2580
ttattttctg gttggtgat tattttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata 2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg 2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgagttt 2760
cttaaccctt tccagagtcc tccttgcct gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt 2820
45 gagaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta 2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct 2940
gtatataggt ggttttcttt aagtggggtg ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc 3000
cttttaagca gtgagttatg gtgggtgtct catgaagaaa agaccttttg gcccaatctc 3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtagttagaa 3120
50 ttatatcact tcactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta 3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt 3240
ggaagggtgc tcttttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttcttg 3300
tctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttggtgta cagacttctt ggtacccagt 3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tcaactaatac acagttttgt acatgtaaca 3420
55 ttaaaggcat aatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```

20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
 gtacaggagc tcgtgccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
 cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt180
 cagagctgaa ggcgagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240
 ctgtccaccc gagcgggtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag cacggtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
 tgaggataaa caaggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
 acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
 tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
 gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
 gaaaaaaa 668

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5 ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
 ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
 tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgcca 180
 tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgcgccttt acggacactg aacggttgat 240
 cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgcca 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
 ctttatgggt gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac 420
 caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc 480
 agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgccttgggt cacagtgccg gcttacttta 540
 atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggtc tgcaatgtac 600
15 ttttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcctggtaa tttctttacg ggtttgggca 660
 aaaaaagggt t 671

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

 agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
 ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
 agtcgccaca cctttgcccc tgctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
45 ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgtaga cttctttggg aatgggccac 240
 cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
 cgcttgtaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggtgccga gccttcctga 360
 tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtc 420
 cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
50 gctaagagga gtgcaaatc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
 agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
 cactatgcct gcagctctac gcccagggc tgcgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
 tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcca gcggacagat gctctccagc 720
 caccgcacga gtatgtgcc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgaa gatcagacc 780
55 agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttcc 840

```



```

caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctcggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atgggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

```

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgctgcc acgccgacgc agaccctct 60
ctgcacgcca gcccgcccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
cgccctggtg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttggtg tggtaaaaac240
35 ctaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgtag cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 837 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

15 ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60  
cggcagctgc ttagcggaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120  
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180  
gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctc240  
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc300  
20 ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360  
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420  
cactgggggg gttggggtgg gcttgaaca cagggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480  
tttgtatcat agtaatcctg ttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540  
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccggt acctcctctt tttctttctc600  
25 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660  
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gtccatatct actttataac attcacatac720  
taacccttct tcaagatggg gtgggggggt gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780  
aagtcctggg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggtcag cgctcgaggc ggtagtgacg gtggcgtttc cttgaggaag agtgaggggtt 60
ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
5 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaataca gttacgagct gaactagaga aacatgggta300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
atctgcttg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
10 gaaagagaaa aattgcgg 498

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggctcgagc tggtaacaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacaggtttg cttgggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atcacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
40 tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattt agaatgggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatt 480
45 aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatt tttccttcgg gttggcaaaa 600
tattttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaaaa agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttgacttaa tgtcttttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50 agaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077
55

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25 cgacgggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60  
ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120  
aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtacat ctttggcatc aaaagcccaa 180  
acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240  
30 aatcacatcc tccttgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaagct 300  
gacggtatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaagaaca tcttttagtc 360  
tcgattcctc tcttgattaa tcattctcaa gctgaaagta ttggtgttca tacttacgca 420  
gctcatgtc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480  
gctgcagaaa tcgcacggtt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540  
35 cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag ttttctctc 600  
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660  
ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720  
tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aacctgtctg ctggttgtaa ttttgaggag 780  
gctttgtttt tgggtgtttac tgaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840  
40 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcttat 900  
atggccttat ttctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960  
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgtc1020  
gcagctgaca aaattcctgg gttactagggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca1080  
aatgaccacc aagggtttta tcttctaaac agtataatag agcacatgcc tctgaaatca1140  
45 gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa1200  
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc ttatattaatt tgtattgcat aaaatatggg1260  
gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatggttgg aatggttttg1320  
gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagactctg1380  
gcggttgcca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccac tgatggacac tgagtatacc1440  
50 aaactgtgga ctccattatt acagtcttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat1500  
accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc1560  
ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggtca aatggtgaat1620  
aaccacaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgctg tccaggaagg1680  
gttccatcaa tggcaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagg1740  
55 tagtagtagt tctgg 1755

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```
25 gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
 cggaccgggt gccccagggt cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
 acgectcccc cgagtccecg gcccctcccg cgccctctt ctcggcgcgc gcgcagatgg 180
 gcgccccgcg aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
 gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30 aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaa 360
 ctggctgcca aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
 gcaaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgacctga ctgcgatgag 480
 agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcacg ggcacctcca tgtgctggtg tgtgaacact 540
 gctgggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35 tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
 ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
 acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgac tggttcaaaa ttcttctcaa 780
 aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt atttgaaaa agatgttaaa 840
 ggtgaatcct tgtttcatc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
40 ctggatcctg gtcaaaactt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
 cagggctctaa aagctggtgt tattgctggt attgtggtg tggatgagc agttgttgct 1020
 ggaattgttg tgctggttat ttccagaaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
 ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
 atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
45 catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
 tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc ttaccaatc ttgaaatttg accacaagtg 1320
 tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttga ctccatcggt aaaattat 1380
 atgtgttaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440
 tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagctctg tacatacata cttttttatg 1500
50 agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

gcgcggtatt atcgggtaga catctcgcac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgcagc 60  
 atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatctt 120  
 gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180  
 25 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggt 240  
 aatggcacaat ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300  
 cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggct 360  
 atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420  
 aagaagttaga tgaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaactatg 480  
 30 aagagtttgg acaaagatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540  
 ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600  
 cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660  
 cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720  
 gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780  
 35 gagttgggtca aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttaga 840  
 actgtcagca tgttggtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900  
 aacaatatgt acttaaaagt tgactatttg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960  
 cactatcttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgc 1020  
 40 ttttaaaactt ggttttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaatccat 1080  
 tccaagttgt atatttggtt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 791 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

gcccgcgcgc cggacccggc gagaggcggc ggccgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
15 ttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaaatg gggggggagg caccgcagct180
ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agactcccc cgagaggtct tttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgtcg cccttttcta ctttgccagc aaactgggtg tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctcctactt540
tgggacgccc acgtggcaga ccgtgacat ctttgtggcg ggagtgtca ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt tttcctcca660
taaattatgg catttttctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat tttccttact720
25 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tggtcttgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttcccttc ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120

```

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180  
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaatgcc tggatcctgt240  
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300  
 tttgatgctt aacccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcaagc gtgacttgaa360  
 5 gtgttgcatg ggcattgtgt ggaaatcctg cgtttccct gtgaaagctt gattcctgcc420  
 atatggagga ggctctggag tctgtctctg tgtgggccag gtcctttcca ccctgagact480  
 tggctccacc actgatatcc tctttgggg aaaggcttg cacacagcag gctttcaaga540  
 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 643 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35 gggcccgcgg ctcgggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcgggaacc 60  
 cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tggacaaaaga agtgtggatc ctcagattcc120  
 atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgct ggtaacaggt ggggctggct180  
 acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggctcatcg240  
 ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300  
 40 aggagctgac aggccgctct gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360  
 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgcg gggctcaagg420  
 ccgtgggcga gtcggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480  
 tccagcttct ggagatcatg aaggcccacg gggggaagaa cctgggtgtc agcagctcag540  
 ccactgtgta cggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacgggggtg600  
 45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggtctgag tgcctccaga ggactggcca catTTTgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggTTtgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcacatcc480
tgaaaagaag gagacagggg tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccttttt tccttctttc ctttcttctt tctctttctt tcttttttaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt gggtgtggga 860

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5 cggggctcgc ccagcctggt ccggggagag gactggctgg gcaggggcgc cgccccgcct 60
 cgggagaggg gggccgggcg gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgcct 120
 gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaaatggc 180
 agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
 gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc taccagggg ctctctatcc 300
10 tggggcctac ccggggcagg caccgccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
 ctaccctgga gcacctggag cttatcccg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
 acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gaggctaccc 480
 tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
 gcctggggga gtggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggcacggtga agcccaatgc 600
15 aaacagaatt gctttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacag 660
 cttcaatgag aacaacagga gagtcattgt ttgcaatata aagctggata ataactgggg 720
 aaggaagaa agacagtcgg ttttccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
 actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
 tcacggtgtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20 caccagtgtc tcataatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaaaa 960
 atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt tttacattca 1020
 tcaatatccc tcttgaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
 aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
 aggggggggg tgggt 1155

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 522 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50 aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccggccac 60
 attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaattctg aatgatacga ttatgcccac 120
 tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct 180
 gatgaaggca tctgatgcct tcactctgtc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca 240
 ctttttggtg ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac 300
55 tgctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta 360

```

```

atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaca480
ttctaattaa aggcctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

```

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

```

ccagctcgcc ctgcctagcc agggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
gccgcttcca ataggcgttc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120
cgcggctctg aacgcgtga gggccgttga gtgtcgcagg cggcgagggc gcgagttagg 180
agcagaccca ggcacgcgc gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccgga 240
ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctcccg ggcgtcgcc acctgaacgc 300
gagcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccgc acctgatcg gagacccaa 360
cggctgggtg cgtcgctgc gcgtcgcgc tgaactggcc atggcgagc gtgcgggctg 420
aggcgagcgg ggcgtttct gccctgctgg gatcgctgct cctctctggg gtccctggcg 480
ccgaccgaga acgcagcatc cagacttct gcctgggtgc gaagggtggg ggcagatgcc 540
gggcctccat gcctagggtg tggtaacaat tcaactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600
atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
cctctgtccc aagtgtccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780
actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcaactgggc ttgccgtgca tccttcccac 840
gctgtgactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
agaatcctcc cctgccccctt ggctcaaagg tgggtgttct ggcgggggctg ttcgtgatgg 1020
tggtgatcct ctctctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc 1080
aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaaga 1140
acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaaaggag gggagactat 1200
gtgtgagctt tttttaata gagggattga ctcgatttg agtgatcatt agggctgagg 1260
tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggtctg gcagggatgg gtttgctttg 1320
gaaatcctct aggaggctcc tcctcgcatg gectgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380
ttcctcgctg atcgatttct ttctccagg tagagtttct tttgcttatg ttgaattcca 1440
ttgctctttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaatcggt tcttttggtt gtctgattta 1500
tgggtttttt aagtataaac aaaagtttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa 1560
55 tgtacaagtt taataaaaag gggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1628
aaaaaaa

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacagg 60  
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacggt aagtcctcc120  
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccgatcccc tcagccttcc aggtcctcaal80  
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240  
30 cgtcctgggc tggctggccg tcctgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300  
cttcacggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360  
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagt caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420  
gcaggacctg caggcggccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480  
cgtgctgctg tccgtggtgg gggcggaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540  
35 ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600  
gggtg 605

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```
10 aggggggcgag acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
 agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
 ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtgggtc 180
 gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgata tcccgtggt 240
 actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggcggcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
 cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
 aacatgccca tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
 cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
 ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtggg atctttggaa caggaaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaaagg atgtcaatg 660
 accgccgccc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
 ctgctcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
 acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtggatcc caagaaaggc gctcagatcc 840
 ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagtgtat gagctgcttc 960
 agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca1020
 gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc1080
 tcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg1140
 actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccgc cctgctgccg1200
30 accgaggact gaccactcga ccagggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct1260
 ctgaagttaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagt catcatcaaa1320
 aattggtgtt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg1380
 tggcggtgtt tgcatagcg acagtgcgc tcatacctt ggtgatgctg aagaagaaac1440
 agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc1560
 agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct1620
 tcaactacca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga1680
 tttactcatt atcgcccttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaal740
 ttaaccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctc tatactacat1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga1860
 ttctctcctg attatttacc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggttt1920
 gtgacccaat taagtcttac ttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt1980
 gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgac actatgcatt2040
 ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgccttagag agattttttt tccatgactg2100
45 cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac2160
 acacgtttgt ttctctgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct2220
 tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg2280
 taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat2340
 tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg2460
 aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt2520
 caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgataca aaagaagatg aaatgggaag2580
 tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct2640
 tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa2700
55 aactatatta ctggcagggt tataatatgg c 2731
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2194 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60  
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120  
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180  
25 cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240  
cggctggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300  
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360  
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcacgaat 420  
ctactaatcc cacacctttt attgacacag aaaatggtga gaatcccaa tttgattgat 480  
30 ttgaagaaca tgtgagagggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540  
ttcatgtaca agatgaagga gaggaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600  
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660  
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720  
acaggttaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780  
35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840  
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctacttttcc 900  
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960  
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat 1020  
ccatattgag tcaaatggta ggcatttctt atcacctggt tccattcaac aagagcacta 1080  
40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal 1140  
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc 1200  
agtgtgtcga tctcagatca gtgtaccatt tgcctcccgg gctcaagcga ttctcctgcc 1260  
tcagcctccc aagtagctgg gattacagggc acctgccacc atgcccggct aatttttgtal 1320  
attttagtag agacagggtt tcaccatggt gcccaggctg gtttcgaact cctgacctca 1380  
45 ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag cccccgcgcc 1440  
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttcaaa tttaaaaaaa 1500  
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaggaa 1560  
gtcaaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt 1620  
cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat 1680  
50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tattttttaga tagttagaac 1740  
ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttcaaa ctgcctcgac 1800  
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca 1860  
ctgatgctta gatgttcag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtc 1920  
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac 1980  
55 tgtgtgtgtg aatgaacact cttgttttat tccagaatgc tgtacatcta ttttggattg 2040  
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc 2100  
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa 2160  
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:
- 25
- |                |            |            |             |             |                 |      |
|----------------|------------|------------|-------------|-------------|-----------------|------|
| cggaaggtgg     | accttgatg  | aattttgacg | agaacaagtt  | cgtggaccga  | agaagatggg      | 60   |
| ggccgcacgc     | ccaggcccgg | gccccgacga | ggccgaggtg  | gacacctgcc  | ccctgcgcaa      | 120  |
| aggaaacatg     | aaacagacc  | tacaggcagc | tctgaagaac  | ccccctatca  | acaccaagag      | 180  |
| tcaggcagtg     | aaggaccggg | caggcagcat | tgtcttgaag  | gtgctcatct  | cttttaaagc      | 240  |
| 30 taatgatata  | gaaaaggcag | ttcaatctct | ggacaagaat  | ggtgtggatc  | tcctaatagaa     | 300  |
| gtatatattat    | aaaggatttg | agagcccgtc | tgacaatagc  | agtgtctatg  | tactgcaatg      | 360  |
| gcattgaaaag    | gcacttgctg | ctggaggagt | aggggtccatt | gttcgtgtct  | tgactgcaag      | 420  |
| aaaaactgtg     | tagtctggca | ggaagtggat | tatctgcctc  | gggagtggga  | attgctggta      | 480  |
| caaagaccaa     | aacaaccaaa | tgccaccgct | gccctgtggg  | tagcatctgt  | ttctctcagc      | 540  |
| 35 tttgccttct  | tgctttttca | tatctgtaaa | gaaaaaaatt  | acatatcagt  | tgccctttaa      | 600  |
| tgaaaattgg     | gataatatag | aagaaattgt | gttaaaatag  | aagtgtttca  | tcctttcaaa      | 660  |
| accatttcag     | tgatgtttat | accaatctgt | atatagtata  | atttacattc  | aagttaaatt      | 720  |
| gtgcaacttt     | taaccctgt  | tggctgggtt | ttgtgtctgt  | ttgtttttgt  | attattttta      | 780  |
| actaatactg     | agagatttgg | tcagaatttg | aggccagttt  | cctagctcat  | tgctagtcag      | 840  |
| 40 gaaatgatat  | ttataaaaaa | tatgagagac | tggcagctat  | taacattgca  | aaactggacc      | 900  |
| atatttccct     | tatttaataa | gcaaaatatg | tttttggaat  | aagtgggtggg | tgaataccac      | 960  |
| tgccaagtta     | tagctttgtt | tttgcttgcc | tcctgattat  | ctgtactgtg  | ggtttaagtal     | 1020 |
| tgctactttc     | tctcagcatc | caataatcat | ggccccctcaa | tttattttgtg | gtcaccagg1080   |      |
| gttcagagca     | agaagtcttg | ctttatacaa | atgtatccat  | aaaatatcag  | agcttggtgg1140  |      |
| 45 gcatgaacat  | caaacttttg | ttccactaat | atggctctgt  | ttggaaaaaa  | ctgcaaatca1200  |      |
| gaaagaatga     | tttgagaaa  | gaaagaaaaa | ctatgggtgta | atttaaactc  | tgggcagcct1260  |      |
| ctgaatgaaa     | tgctactttc | tttagaataa | taatagctgc  | cttagacatt  | atgaggtatal320  |      |
| caactagtat     | ttaagatacc | atttaatatg | ccccgtaaat  | gtcttcagtg  | ttcttcagg1380   |      |
| tagttgggat     | ctcaaaagat | ttggttcaga | tccaaacaaa  | tacacattct  | gtgttttagc1440  |      |
| 50 tcagtgtttt  | ctaaaaaaag | aaactgccac | acagcaaaaa  | attgtttact  | ttgttgacal500   |      |
| aaccaaatca     | gttctcaaaa | aatgaccggt | gcttataaaa  | agttataaat  | atcgagttagc1560 |      |
| tctaaaacaa     | accacctgac | caagagggaa | gtgagcttgt  | gcttagtatt  | tacattggat1620  |      |
| gccagttttg     | taatcactga | cttatgtgca | aactgggtgca | gaaattctat  | aaactctttg1680  |      |
| ctgtttttga     | tacctgcttt | ttgtttcatt | ttgtttttgt  | ttgtaaaaat  | gataaaactt1740  |      |
| 55 cagaaaaataa | aatgtcagtg | ttgaataaaa | taaaaaaaca  | aattgaagaa  | gaggatggag1800  |      |
| atttcgactt     | gg         |            |             |             |                 | 1812 |

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgcgcgaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taagcgcgac aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
30 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcggtgga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctgaccatc acctccagg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttctc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctgatggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttctc720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtacccactc ggggggttgg ggtaatatc tgtggtctc agccctgtac cttaataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```

15 ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
 accttttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
 gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttattg tgggtgacaat 180
 tcagtgtgga gtctgtctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
 gaaaatggaa aacagatatac aggatttgga aaaaaatttt actacaaaagc aacagttatg 300
 tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccagat tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
 tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
 ccaggatatac ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg gggtcattgct 540
 gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
 cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctgggtttgcc 720
 agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgttt attctgtagt ttcactctca 780
 tgagtgcacac tgtggcttag ctaatatattg aatgtggctt gaatgtaggt agcatccttt 840
 gatgcttctt tgaaccttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttccttataa 900
 taacacttag atttattgga ccagtcagca cagcatgcct gggtgtatta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaaatg aaattatattt 1020
 ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaal 1080
 gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt 1140
 aaaaaatagt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
 aatatgcaca aacttggctt ctttaaccaa gaattattt ggaaaattct ctaaaagtta 1260
35 atagggtaaa ttctctattt tttgtaattg gtctgggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
 atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
 ttcagaatca gatgcacctt ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
 tgccacttca tgggtgcgaag tgaacactgt agtcttgttg ttttcccaa gagaactccg 1500
 tatgttctct taggttgagt aacccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
40 tccttaaata aagagagggg ttaaaccatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat 1620
 aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattctagt ccatttacat tgccttggct 1680
 agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaaagtaa 1740
 gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga 1800
 tggaaagaagt aaatatagct caggtagcac tttataactc ggagatctc agccctctac 1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc 1920
 cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
 aaattgggccc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
 agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttcctt 2100
 cctttgtagt ctctggcaag atgcttttag aagataaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa tacccgtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
 gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
 aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc 2340
 acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta 2400
 ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaaa ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
 tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa 2580
 atctgttaaa ataaaattgt acatttgga aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25 ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgcgc gcctcatcgc 60
 cgatcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgcggcatg gccgtcctgg tgatcaccaal20
 ccggagaaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
 ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggg240
 atcgtcccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
 cctttcaaatt tctgtccttc cccctccctt ttgcgcacac accagggtta atagatcctg360
30 gcctcagggt ctcctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
 ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
 ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
 cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaattgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgctt600
 gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccgagga gaagaggagt660
35 ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
 gcttgctcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
 gacagacatt gcccggaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
 tattggtaat gttctttttt gtaaaatggt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
 gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
40 aaaaaaaaaa aaaaac 976

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttccgggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
15 ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
gggaaggggc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggtttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgcaa atttgaagaa 360
gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgt aaatcagcgt tggaggcaat gtctactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccattctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctc tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaaactga tgaattaact1020
30 taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc1080
tctgagtagg cctataatct ctaccttgac tgtgtgcac atttgtaagc tagcagatct1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcccttcgc1200
catgttttac cagtcctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa1320
35 tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaataaaac ctaggttttc tatattaaaa1380
aaaaaaaaa aaaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

10 tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60  
ttttctttct ttcttttttc ttcccttttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120  
ttgggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180  
atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccaggt tttttaccgg ctttttaaga 240  
tgccaatttc ttcttctccc cccacccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300  
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgaggtagaag attccaatta 360  
cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtattta 420  
15 caatattaca gactagcag atcagtgctc acaactcactc tttttctgct gtatcctctt 480  
caccagttgg gggaggcct gcacttccat agagtttgct gataattggg tgaacaattt 540  
cttcagtttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600  
gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatggtctc cttatcttca gaggaaagt 660  
tacctccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720  
20 actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttctcagca aacttctcag 780  
catcattaac catccttttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctgggtc ttgggtgattg 840  
tgatcttatt ttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900  
catctatctc aaaggtagct tcaatctgtg ggacccacag aggagcagga ggaattccag 960  
tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag gggcttttca cttcatagaa 1020  
25 ccttgattgt aacagttggg tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg 1080  
taggcaccac tgtgttcctt ggaatcagtt tgggtcatgac acctccaca gtttcaatac 1140  
caagtgttag gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga 1200  
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg 1260  
atggttcctt gccattgaag aactctttaa ccagttgtctg aatctttgga attcagctc 1320  
30 agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca 1380  
ctttctggac gggcttcata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaattgg 1440  
cccagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattctt 1500  
cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg ctttttctac ctgcgcggc agtttctgca 1560  
cagctctatt gtctttcctg acatctttgc cgtcttctt tttgtacagt ttgatgaag 1620  
35 gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtgcca 1680  
caacttcgaa gacaccattg tcaatggtag gaagagacac atcgaagggt ccgccacca 1740  
ggtcaaacac caggatgttc ttctccctc cctcttatc caggccataa gcaatagcag 1800  
ctgccgtagg ctggtgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt 1860  
tggttgcttg gcgttgggca tcattaaaat aggtggttac agtaacaact gcatgggtaa 1920  
40 ccttcttttc caaataagcc tcagcggttt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaa 1980  
tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggt 2040  
tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgctgc acagacgggt 2100  
cattccacgt gcggccgatg agccgcttgg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg 2160  
tgagctgggt cttggcgga tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat 2220  
45 aggacggcgt gatgcggtt cctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga 2280  
acacgccgac gcaggagtag gtgtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg ccacgtcct 2340  
ccttcttgtc ctctctctcg gccgcgcgg cgtcgagcag cagcagcatc gcggccacca 2400  
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta 2460  
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgagg tcacaaggcg 2520  
50 ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact 2580  
cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gacccttag 2639

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccgcgccc 60  
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgcccta ggcccgcctag ccgcccgcct cctcctcagc120  
20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180  
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240  
gacaacctca agtgcctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300  
gaggggttcc gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360  
tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420  
25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480  
agaaagtctc tgccctggcc tgcattctgt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540  
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaacca taaagtaacc600  
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttctt ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
5 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccg gtagttcacg300
ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcaccc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcatac480
10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacagggtc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600
tgagggagct gggagaccct cccacagtgc ccacccatgc agctgctccc caggccaccc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcgttcca aggcattctgt gagcccgcgg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaattttatgg acaagaagtt atcattgaaa tttaatgggt gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatatagtg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacgag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gtccagcaga gaaacccatg360
45 tctctctctc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaataa aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
cttataatat ctgc 494

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

20 acgcggctga ctacgtctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttccctggctc 60
 ctcccttctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
 cactctgcgc ttcaccatgg ctttcattgc caagtcctc tatgacctca gtgccatcag 180
 cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
 tgtggtctcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
 ccgctttccc aggcgcctgg tggtccttgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25 gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
 ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
 cttcgccctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gaccatttt ccctcatgac 540
 cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
 gaagtctctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30 catcaacatt gagcctgaca tcaagcgcct ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
 tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
 caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
 tgcctttccc ctctgcctgt ttccctttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
 tgggtctcaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35 ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaal1020
 taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

```
ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcctc ttgcgcctct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
acatattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtaaa atctttttca aatttaattg atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcattca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttcagctc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648
```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

```
ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gtccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtccctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaa ggaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtctca acccgggcat 420
ccccattggc acaagggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttaccg tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccctcatg tacgacaccc ctcaagaggt 600
```



```

ggccgaagct ttctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga 1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg 1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata 1140
10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggg 1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttgggt tccaagaaag acaatgagca 1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga 1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta 1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc cttcaaagg gacacgagag 1440
15 ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttcaactg 1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat 1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
tgaattttat gactatgacg ttgcctgtat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
gactatcagg cccatttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
20 tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaagaaa 1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaaccc gccccggggg gg 1842

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagcccccac ccaggccagc cggtctgtct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
ataactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcattcagca ctgaagtcat 360
ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55 acgcttctga gctaaaagct tccatggaag ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatgggttg cctggcaaa ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
5 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaaagc atcaggaaa aggttaaagg 840
agacctggaa aatgcttttc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
aatcatggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140
ggtgctcacc atgcttcag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgaaat aacagtcctc1200
gtggccatcc ctgtgagggg gacgttagca ttaccccaa cctcatttta gttgcctaa1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaagg1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
gctctgggac tgagctgtac agtatggtt cccctatcca agtgtcgcta ttttaagttaa1560
atttaaataa aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgc ctggagtcg acgtggaagt tgctggctga 60
45 ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
ggcgagggag gacagggggg tcatcatggg tggcttttcc tcaagtatat ttccagctct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgttgga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccatttttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagtgtgaa acattaaaaa cgagacagta attcagtcga ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtg cttcacacta ctagatgtta 780

```

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840  
taagtatttta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900  
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatatctt atttgtatgg aattcttatt 960  
5 caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020  
aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLFSY WWVITENKDL FSCSLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60  
25 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIADVVRD NIAISGMLQA60  
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60  
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTLTFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60  
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVIFYKNS60  
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYTFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHYKTTTS60  
LDTMCLPTIS SLNMFHQLRC LV 82

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60  
EWNQKNVVSU 70

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60  
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LKRFETTAV120  
NTLFCSTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180  
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240  
RLLEKYPQAI YTLCSICALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLELDNVI300  
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSNT NIRWNNYIAG360  
10 RAFVLCSAVS DDFIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420  
GKY 423

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60  
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTESEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120  
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180  
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFEDIKHDL LMVDITYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLFYFYKEI60  
LPLFLVNKLK GTDVGLEQGL SGGECSWTA 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60  
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQFFIKK QHTRKAELRN60  
ADVYGKKEQK M 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60  
AMYKLG 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60  
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60  
NELYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120  
APGSTF 126

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPEL EYIPRKRGN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVVDK RVKQMKARQN120  
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSV QT 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPQKGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

135 EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60  
SEKSSAASEE EEEKESEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSDCSGY HTACLRPPLM120  
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180  
PDFSEDQEEK KKDSKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240  
GRGKDSTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180  
SSTSS 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTAMKD PSRSSTPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60  
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120  
NAKEFVPGVK YGNI 134

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60  
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120  
SFSIHMYSAN GLSSS 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLEDFEDFF FFYVIFGKTH SELYLVT 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLLKC60  
L 61

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

5

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAVALRAVRPCLI60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

10

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

25

KRDIILNVFS QRSKRRKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

30

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

45

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60  
RRDALGAWSA AQRPTTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPP DASASGPRGG120  
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60  
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60  
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120  
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180  
40 KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRLDSDTL60  
RF 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60  
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLISRKIKQ NTSPARLTCV YIIYKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60  
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:



- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVMWF SFKLLFLES RIYGVNCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60  
KREKGKGRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILIYTSHE FLPLVTIQML PSATIQIAQP60  
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

45

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LEFFLFYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60  
KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDGRGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60  
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120  
FDPENLDSL FTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

50

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60  
KDCSMAALTS HLQNSNNNS WNLRTSRKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120  
EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCSEQKTSIGIINK240  
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300  
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360  
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420  
5 EYLTQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60  
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60  
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60  
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60  
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKVFAS QSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60  
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPYIA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60  
PLPQSHQPAR GAD 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILEFDV120  
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60  
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60  
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120  
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWYIVTRPR ERPM 174

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADVVCNI R 131

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHDLD KDTQYLLNSS 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSGGERED SAAERARQQL 60  
EALLNKTMRI RMTDGRTLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPDSFSAGE PRVLGLAMVP120  
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60  
LQSRVQRKQ PTVSRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPSTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60  
ERRVCKNAKV TFPVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60  
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTPG AQTACGSRTS120  
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCFAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60  
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120  
YLRTVSAP 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLPF SLFSLRSLFQ60  
FPSDLPLVPL ESQRL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60  
FP 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60  
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60  
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLO GAGLQQAQNA AYSVSLPPGC VGHLPWHLRL 60  
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPS120

GCYRY

125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20

RG RDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGC RN GLKSKYYRLC 60  
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120  
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180  
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60  
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNP GCGHR F 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60  
LETFLFKLFSL LDEKDKGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60  
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

KTTIHGPCQN HLPPTHCFK RPGLTSKGD IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60  
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPSSRSSL AGQNTQHSH SARES

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSSLSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSSLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60  
ISWASMVPEW L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLESGGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60  
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFLASLSSS 60  
VSTYRISRQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSRLAAV A 101

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSPQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAH ASLRFACLLL LFNRFGRQW IFLLRLCLLQ 60  
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDOYLELN ALQEELGPFQ LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60  
LFEKGDVNGE KEQKFYTFLK NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDI120  
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RKG 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPYPYPYL PIMQGPGRGS SGRKPHSQSF YPHRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60  
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120  
WGQHLPHAH TTHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180  
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGROTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240  
KKRRKKKKK 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60  
SSGPVGGGRGR SGSKARTPOL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120  
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNLPCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60  
DSSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KPKVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 45 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60  
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120  
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60  
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120  
30 NQQKEKKEKK KKRSEFKGQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50

PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60  
LKKTAVKTVW VEGLEDGFT YYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120  
SKSSDSHSDS DGEQAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180  
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

- 20 KGGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60  
REEKKILQR ADG 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

- 40 IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60  
KGNEVMIQ 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- 45 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDDNN NAGSGQOSVS VNNEHNVANV 60  
DNNNGWDSWN SIWDYGNFAT ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQGGKGP120  
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCTTTSVL180  
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHVFVN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60  
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWL R VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60  
LLLLALVAGE VLQDHLRLAQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLCLAE KPLAFFFFSL 60  
RLWRVKYSRT TALRCWSSR ACGLMRGVC A SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120  
RSHSSFSDRF RRLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGY RNPSTGNKAH 60  
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKKAKGF 60  
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLC SG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120  
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180  
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

20

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35

40 PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRL L SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60  
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120  
FISAISRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180  
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGT AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240  
NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHVDLDF HLN RVNLEES300  
SGVENSPAGA RPKRKNKKS Y DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360  
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTS AVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420  
LDVYFEYEEK IMSKTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480  
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540  
45 LVLKQQNLPV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600  
GGNIEYQNL VDYIKGQ GK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLQ GK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMOVESPT 60  
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGK C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35 QLGWIFYFMS YPLHAHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60  
SPSVPTQLD IWEQVGDSTM CSQMILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120  
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60  
ITVASTS 67

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKG LQEVAEQLEL ERIGPQHQA 60  
SDSLTGMAF FKMREMFED HIDDACYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60  
IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLILWIIYY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120  
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180  
PRNRIKQPNR IKLR CR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60  
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICTH AFFKAILFIC SGSIHSLAD120  
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60  
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGKLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120  
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60  
ILSSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVYSGKLMC LIRFDIEIRI120  
GDSRRMKIK 129

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

35

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60  
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20

SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60  
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120  
TS 122

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HLSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60  
RK 62

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60  
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPFLFEMIFF VHEGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60  
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60  
YGGGL 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60  
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88  
25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAQGGM 60  
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKL PQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- 50 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60  
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60  
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120  
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI V LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60  
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120  
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEEAL EA MQSRLATLRS180

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSONLQ ERWLPQRM RG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60  
50 EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGR TGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VVSSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

50

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

15 KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60  
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120  
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180  
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

20

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

35

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60  
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQRTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120  
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YR 132

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60  
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120  
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCCCKTSFE 159

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

ATLPDALPPA TKFFLKAFDD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60  
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- 5 (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKQPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60  
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 50 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DERPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60  
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VERSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60  
DMLYSAGSRV SGRVRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

25 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60  
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120  
STTFLCWQIC FQIDF 135

## 50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60  
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFICC120  
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180  
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSLPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60  
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTAPRRY CVRPNSGIID120  
PGSTVTVSVM LQPFDDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180  
FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240  
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EHAEDSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVEDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60  
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60  
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120  
 AVAAMSKDN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180  
 5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYGQGG MSGGGWRGMY 220

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTTACAG CTCCTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60  
 TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120  
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180  
 ACAGCAGAGA GAACAACTGG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240  
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTGA TCCTGACTCG 300  
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360  
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420  
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480  
 CCTCCACGTG AAAGAAGTGT TCTTACCTCT GAAGTGGGGG CTCCCATAAG GGATAATTTT 540  
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600  
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATC CTTGGCCTTT CCCTTGTTAT 660  
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACCTC AAGTTTATC 720  
 45 ATTTGAACTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780  
 AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840  
 CTCTTGACCC TGCACTGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900  
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960  
 CCTCAGACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTG GAAAAAAGTG GGCAAGACAT 1020  
 50 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGAT AAAGACTTTT TAATTTTAAA 1080  
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

### 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1088 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60  
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120  
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180  
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTC AATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACC GG GTT 240  
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300  
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360  
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420  
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCCG CGACATCCCT 480  
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540  
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTTGGCCAC 600  
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660  
TTAGTTTTAT GCTCCCATTTG AAAAATTTTC CACTATTTTT ATAAGCTGTT AATTTCTTGA 720  
GTACTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGATA AACCAAGTAA GTATTTTTTT TTTGTCTTTA 780  
35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840  
TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900  
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CTTATGATA 960  
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020  
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080  
40 AAAAAAAA 1088

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3292 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

ATGCCGAACT TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60  
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120  
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAATAAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180  
15 CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240  
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300  
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAACAGAA AAAAATTGAT 360  
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420  
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCCT TGAAGAGAAG 480  
20 GAAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540  
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600  
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTCTGAG AAAGCGGTTT 660  
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720  
ATCTGTGAGA GCTGTATTCG AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACTTCTTT 780  
25 TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840  
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900  
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960  
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAAATG1020  
AAAGTTGTG CTTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080  
30 TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140  
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200  
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTCA GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260  
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG CATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAACT1320  
CCTGCAAGCA CTTGTTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380  
35 AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTTNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATTT1440  
CATTGTTACT ATTGTTGTTT TTAATAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500  
CCTNCCANGG GGCAACCTC GTGATGTCTT CTTTGCGGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560  
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620  
TTGAGGAAGC CACAAATTG GCAACCAAACT TTGATATTCA AATGAAACTC CTGGGGAAT1680  
40 TCCGAGAGC TCACCNAGG GTAACTTGGG ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740  
AAGAAACCCN TAAGTGTCCC AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800  
TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860  
CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920  
ATCCTGACAC GCTGTCAGCT GAGCTTCATT GTTGAGAAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980  
45 AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTTT2040  
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100  
ATGAGCGGTA TGAAATGGN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160  
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGGG TATTTAAACA2220  
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280  
50 TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340  
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400  
TCTTTGCCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460  
CCCCGTGTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTT TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520  
AGTGCCATGT TTCCNTTTTG CGTGATCTCT GTTGATGGCA CTCTGGAATT GTTTTCACTA2580  
55 AGTCATTTTA GACATAGCAT TTTATATCAC TGTGGNATCT CTAATTGTTG GGTGTTATGA2640  
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700  
NAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAAGTA2760  
TNGTTAAATA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAAT ACCGGAGAAA AGCTGTGAG2820  
CTCACCNAAA CAAGGNATTT NCAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880  
60 CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940  
NNTACANTTC CNNNTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTTNA GCANGGTATA3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060  
TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120  
GATTTATAAG CNAAAANCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180  
AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240  
5 TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTTGTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:
- 30

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60  
GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120  
ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180  
35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAGT TCTAGAACCA 240  
GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300  
AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360  
GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420  
AAAAC TGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480  
40 AAGGTAAAC CCAAAGGCAA AGTTGCATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540  
TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAG AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600  
GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660  
AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720  
TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780  
45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840  
GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900  
ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960  
AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020  
AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080  
50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140  
ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```
AAGGACGCTT GCCTTTTTC GGTGCGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGTGTTGGTGG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120
TGCGTATCGA AAAGTGTTAT TTCTGTTCCG GGGCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTGAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAAGTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTT TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAATATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAA ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTTTGTGCA GTAAATATT CCCTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GTATGCGAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCTGT TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTCTT TTAAGGCT CCTGTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATTT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60  
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120  
CAAAGGTGT TGCGGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180  
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240  
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300  
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360  
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420  
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480  
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540  
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600  
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660  
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720  
30 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCGGT CTTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AACTATCTA1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTTATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCATTAGA1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380
25 CTTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTACTTGA1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTG TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTCAG TGTGGTGTAT1740
TATTAAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTCCT TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860
TGTCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTC CTGCTGGATT1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTC GTGCCTTCCT TTCTTGATATC1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT2040
GATGGGAGAC CAAAGAATT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100
CCTGGGAATT CTTGCGATT CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5  
CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60  
TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120  
GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180  
TCCTTGTTGC CCTCTCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240  
10 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300  
AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360  
CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420  
TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCTCTC AATCTGGTTT 480  
ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCAGG ATTATGTTT 540  
15 TTGACCCATC TCTGACAGT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600  
CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660  
TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720  
CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780  
TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTAAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840  
20 GGTTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900  
CTAAAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGTG TTCTGTTTTT TCCAAAAAAA AAAAAAAA 960  
AAAAAAA AAAAATTGCC CCCAAGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60  
CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120  
NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180  
CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240  
AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300  
CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360  
55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420  
TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAACTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCNN 480  
ACCAGGTNNG GGGGCTTGT GNCCTAATTN NNTCCAGNC TCNTTGTAGA AANNGGANGA 540

5 TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600  
CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660  
CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720  
TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780  
10 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCTTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840  
CACCCTACCC CTACCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900  
GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960  
AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020  
CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080  
15 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140  
GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNNGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200  
CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCTNTGGG GNCCANGCAT CNTCCCACAT NGCCCACACN1260  
TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320  
AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380  
20 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440  
GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500  
GGCTCCCNAG GCANGGACA CTACCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560  
TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAA1620  
AAAAA AAAAAA AAAAAA GG 1652

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60  
CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120  
ACCTCGATT GGTTTTTCCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180  
ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240  
50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAA AATGAGAGAA 300  
ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360  
TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420  
CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480  
AGGTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540  
55 GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600  
TAAAAAGAAA AAAAAAACG CATTCAAGTT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660  
GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720  
CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780



ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840  
GGACCATCAG TTTTGCACTT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900  
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960  
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTTCGAT TCAGCGAAAC TTAAAAAGA1020  
5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTCCTGTA CGTAGTGTTC AATCTTCCAA1080  
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140  
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200  
CCAGGAAGTG GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260  
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320  
10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380  
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60  
AAGTCGGGGA TCCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120  
40 CTCCGGCCTG CCAAGTGGAT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180  
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240  
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300  
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTTCGA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360  
GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420  
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTACC AAGGCCATGG480  
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540  
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCA600  
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCAGGTT CTGGATGAGC660  
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTGCA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720  
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780  
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCCTGCCA CTCCGAGATA840  
ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAAGAG ATTTGACACT900

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAAGTGA AAGCCGGAAG 60  
GGGCAAGACG GGTTCAAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGAAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCA 120  
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180  
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240  
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300  
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360  
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420  
CCATGCAAAAG TCTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480  
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540  
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTA 600  
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGACTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660  
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720  
TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGAGCT AGGGGCTGCC TACCCGCTG GGTGTGCACA 780  
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840  
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TGTGTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900  
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTATG GAGTATAGAC 960  
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020  
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080  
40 GAATTTTAAT AAATTTTTC TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCCC TGTGCAGTAA1140  
ACTTT 1145

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```

15 GTTGCGACAT GCAGTGC GCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCCG 60
 AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
 CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180
 GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
 TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
 TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
 TAAAAATTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480
 TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540
 TGGTTTAACA GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAACCTCAT 600
 GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
 GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25 ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
 CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
 TGCGCCCACT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
 CTTGTGTGCC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
 TTA CTAGT GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCCCTC TGTATGATAC1020
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAAA AATATGATCC1080
 CATTAAC TCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTTATGC GAGTTGCAAC1140
 TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
 TACATCAAT ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
 TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35 GCCTCAGGTC TGCCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
 ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAACTA1440
 AAGTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCAGTGA1500
 GTA ACTAAA TTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
 TAATGTCATA AGTGATTTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
40 TCTTTTGT TTTTAAATAC TTAGA ACTTA GCATTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
 GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740
 TAACAAA ACT GGTTCATCC TGGAACAGGG CACAGGTGAA TGCATTCTCT CTGCGGTTGG1800
 CTCCCAGTG GCCCGCCTTC CCATATAGGA TGTGGG 1836
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```
15 TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
 TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
 ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
 CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
 ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
 GTTTCTCTTG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
 ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
 20 AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACACGAT 480
 TGGTTCGGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
 CATGACCTCC TGAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
 ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
 GGCAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
 25 GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGA AATCCCTGAT 780
 CTGATTGAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
 CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
 TAACTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
 GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
 30 GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
 CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
 GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCCCTCTG TAAAAAAA1200
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1220
```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

```

5 CGCAGTGC GC AGGCGTG GGG CTCTCTC CTT GTCAGTC GGC GCCGCGT GCG GGCTGGT GGC 60
 TCTGTGGC AG CGGCGGCGG AGGACTCCG CACTATG AGC GGCTTCAG CA CCGAGGAG CG 120
 CGCCGCGC CC TTCTCCCTG AGTACCGAG CTTCTC AAA AATGAGAA AG GACAATAT AT 180
 ATCTCCAT TT CATGATAT TC CAATTTAT GC AGATAAGG AT GTGTTTC ACA TGGTAGTT GA 240
 AGTACCAC GC TGGTCTA ATG CAAAAATG GA GATTGCT ACA AAGGACC CTT TAAACCC TAT 300
 TAAACAAG AT GTGAAAAA AG GAAAACT TC CTATGTT GCG AATTTGT TCC CGTATAA AGG 360
10 ATATATCT GG AACTATGG TG CCATCCCT CA GACTTGGG AA GACCCAGG GC ACAATGA TAA 420
 ACATACTG GC TGTGTGGT G ACAATGACC AATTGAT GTG TGTGAAAT TG GAAGCAAG GT 480
 ATGTGCA AGA GGTGAAAT AA TTGGCGT GAA AGTTCTAG GC ATATTGG CTA TGATTGAC GA 540
 AGGGGAA ACC GACTGGA AAG TCATTGCC AT TAATGTGG AT GATCCTGA TG CAGCCAAT TA 600
 TAATGATAT C AATGATGT CA AACGGCTG AA ACCTGGCT AC TTAGAAGC TA CTGTGGAC TG 660
15 GTTTAGA AGG TATAAGGT TC CTGATGGA AA ACCAGAAA AT GAGTTTG CGT TTAATGC AGA 720
 ATTTAAAG AT AAGGACT TTG CCATTGAT AT TATTTAA AGC ACTCATG ACC ATTGGAA AGC 780
 ATTAGTGACT AAGAAAAC GA ATGGA AAAAG AATCAGTT GC ATGAATA CAA CTTTGTCT GA 840
 GAGCCCTT C AAGTGTGA TC CTGATGCT GC CAGAGCC ATT GTGGATG CTT TACCACC ACC 900
 CTGTGAAT CT GCCTGCAC AG TACCAAC AGA CGTGGATA AG TGGTTCC ATC ACCAGAAA AA 960
20 CTAATGAG AT TTCTCTGG AA TACAAGCT GA TATTGCT ACA TCGTGTT CAT CTGGATGT AT 1020
 TAGAAGTA AA AGTAGTAG CT TTTCAAAG CT TTAAATTT GT AGAACTCA TC TAACTAA AGT 1080
 AAATTCTG CT GTGACTAA TC CAATATA CTC AGAATGTT AT CCATCTAA AG CATTTTTC AT 1140
 ATCTCAACT A AGATAACT TT TAGCACAT GC TTAAATAT CA AAGCAGTT GT CATTTGGA AG 1200
 TCACCTGT GA ATAGATGT GC AAGGGGAG CA CATATTGG AT GTATATGT TA CCATATGT TA 1260
25 GGAAATAA AA TTATTTGCT GAAACTT GGA AAAAAAAA AAA 1303

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

```

50 CGGCTCGAGC GGCTCGAG AT TCGAGGTC GT GGTGGTCT TG GAAGAGCG TC GAGGGGGCCG 60
 TGGACGTG GA ATGGGCCG AG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTGATAG 120
 GCATAGTG GA AGTGATAG AT CTGGCCTG AA GCACGAGG AC AAACGTGG AG GTAGCGGATC 180
55 TCACAAC TGG GGAAC TGTCA AAGACGA ATT AACAGAGT CC CCCAAATACA TTCAGAAA CA 240
 AATATCTT AT AATTACAG TG ACTTGGAT CA ATCAAATG TG ACTGAGGA AA CACCTGAAGG 300
 TGAAGAAC AT CATCCAGT GG CAGACACT GA AAATAAGG AG AATGAAGT TG AAGAGGTAAA 360

```

AGAGGAGGGT CCAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAG GCTATTCAA ATAAGGACCG 420  
GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAAGAA 480  
GGGATTTGTT CTTCATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540  
CCATCATTTT CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600  
5 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660  
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720  
AGAGGCATT CAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780  
ACCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAATAA 840  
AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900  
10 GAACCTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTTGTAT TTAGAAATGT 960  
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT 1020  
GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080  
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT 1140  
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTGC ATATTCACAC 1200  
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAAT TTATGCTGTG TGGAATACTA 1260  
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTAATAT TTTCATTTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC 1320  
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380  
GAACAAATC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCAT 1440  
TGGGGTCCAA ATTATACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT 1500  
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560  
CGGGCCAG 1568

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

KQVKCAKVS LFLFQYCAI DSCIKFWNAG SSWLSSVTW SMSSVLSAS NVGRVRIKSE 60  
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL 120  
VTCTKSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

```

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVGVSAV LGTGLDELfV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10 QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFM QESMAQYWKR NNK 143

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGPLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
35 T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQVRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGAL60  
RDVGGLFVLH VDVLLQHLLPM PQLCQVLLD 89

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60  
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120  
25 ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180  
IPLDGHEADE IPEGLFTP DN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240  
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300  
ADAEILAVKF HTMITKMWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360  
SCALNMWLAK SVPVMGVSA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60  
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:



- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60  
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGR TL RRSPRISRPT AKVAEIRDQK120  
20 ADKKRGEDED EEEEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180  
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEEKESEE ILADDDEPCK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240  
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLLCE KLEEQLQDLD VALKKKERAE RRKERLVYVG300  
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKKS KA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360  
25 DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRHT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180  
45 VDSSTSSSP SPLFLSAF 198

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTS GDGV ASLPLKLGR L FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60  
VRNDCKVFRF CKSKCHKNF KKRNP RKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120  
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180  
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60  
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60  
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120  
YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180  
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERP 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

35 PLVPSFPSAV SSTVLWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPRWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

RLSCAGT LSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

40 GGXGXQLLXP XAXQGXPAA CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60  
MDLHGFPKEX GXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120  
WXRTYLRLGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

5

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60  
XEXMXXGFEE NXXGFXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXMDH XXGFQXRQIR120  
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

30

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLTGMFAFF KMREFFEDH IDDAKYCGHL60  
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

35

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

50

IKAKFNLNAF FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 5 (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAQGGQM 60  
DAVRIMAKDL VRTRYVRKF VLMRANIQAV SLKIOTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMND A IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180  
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 30 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

45 KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60  
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120  
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- 50 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15 KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60  
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120  
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180  
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

40 LMPFQSONLQ ERWLPQMRG RRRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120  
SAHEALLKI 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

45 (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NOWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSVVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
10 CAPSEKFLNM GAPLGVLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30

RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMERNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

35

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSQRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YRGKGICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV180  
QHKEKCNQ 188

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

25

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60  
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120  
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

30

(A) LÄNGE: 320 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFFYKG120  
50 YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300  
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60  
AEAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

40 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAHEDSVMD180  
45 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHA KA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLP CRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60  
VDPRKDAHSN LLAKKETS NL YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120  
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180  
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5    AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHLNKNWC VIYQLPAMF VPCCIPVVF GLKIPVSPKM 60  
     VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGWSW ELVRPEFIYI RSGSWRHRLPI20  
     ETELQQELIL PGEKHVTSCL TKFKQFLIFS EFIHDCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180  
     PSPHQSTRVV FIFVNWLQHL LTNFVVCF

208

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 35 5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 5 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.
- 45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 50 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.



32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 25 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 30 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 35 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 40 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

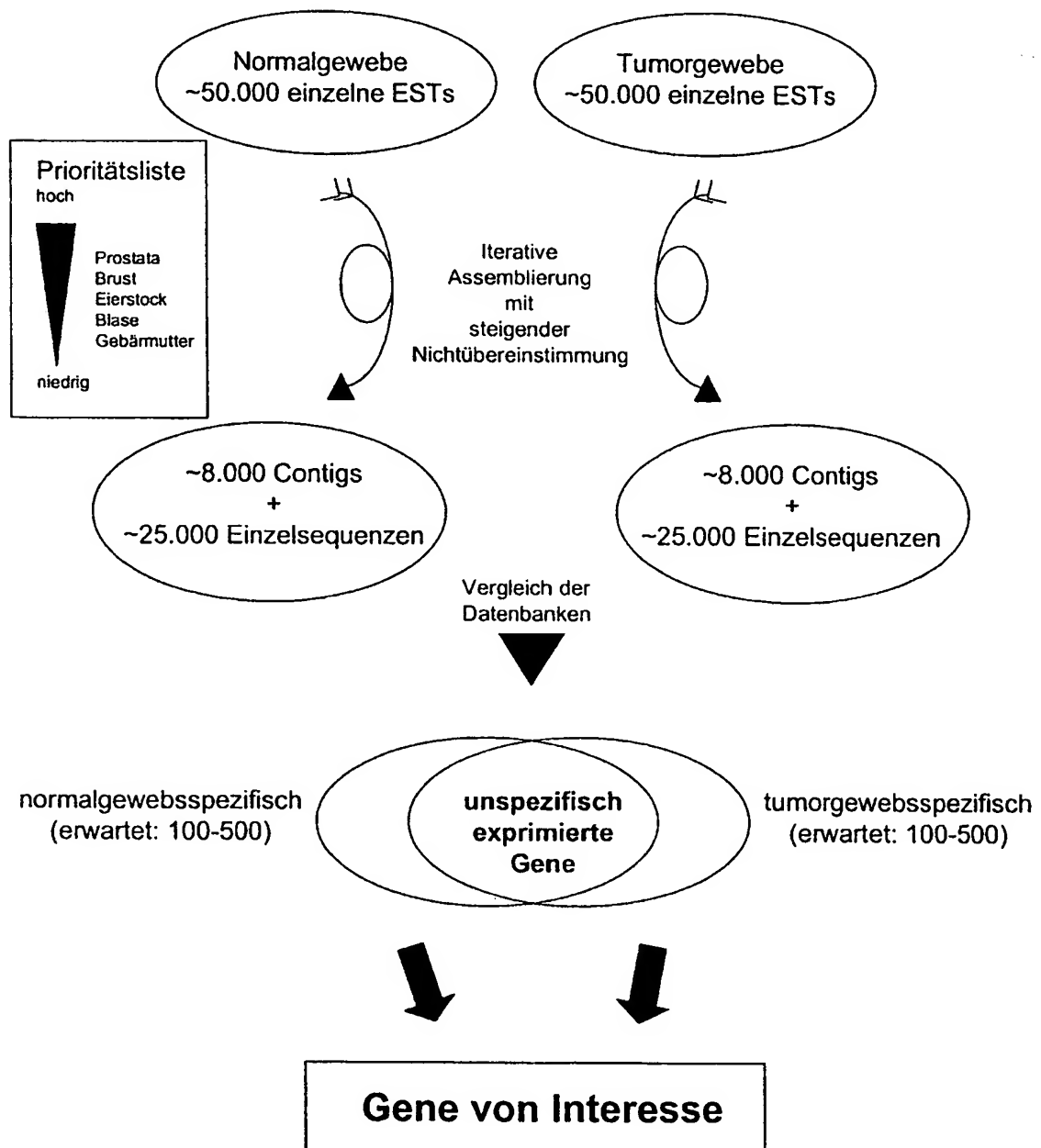


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

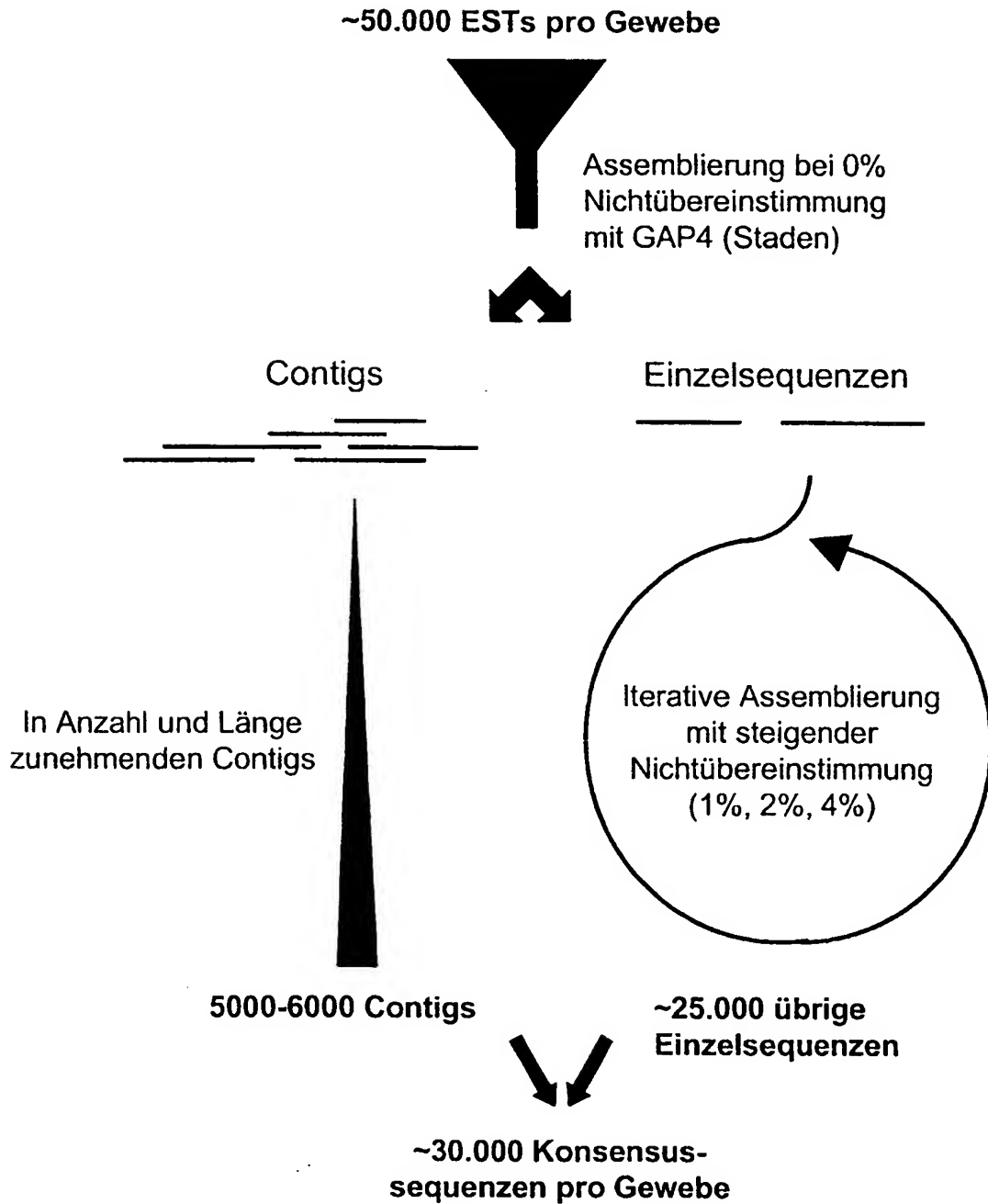


Fig. 2a

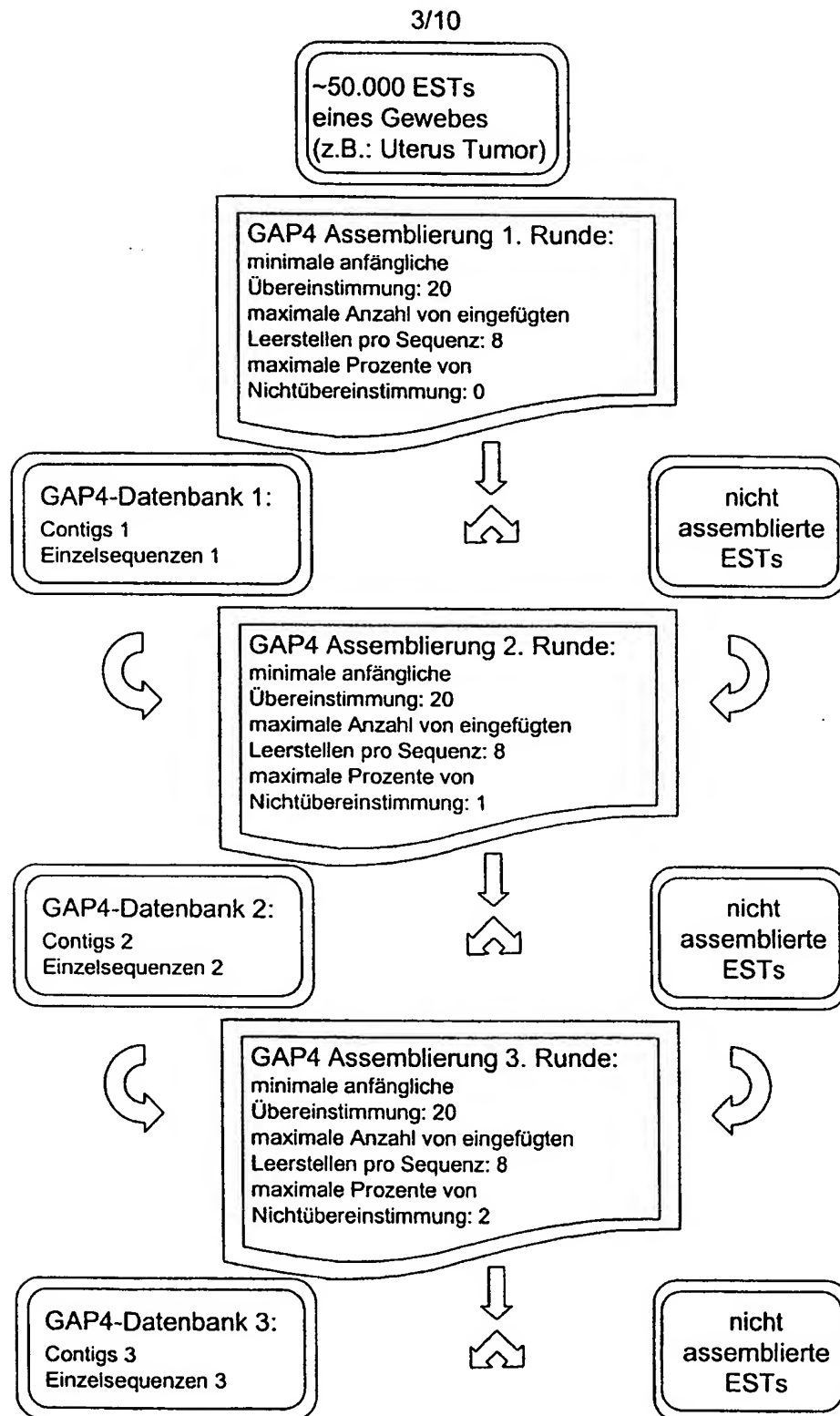


Fig. 2b1

4/10

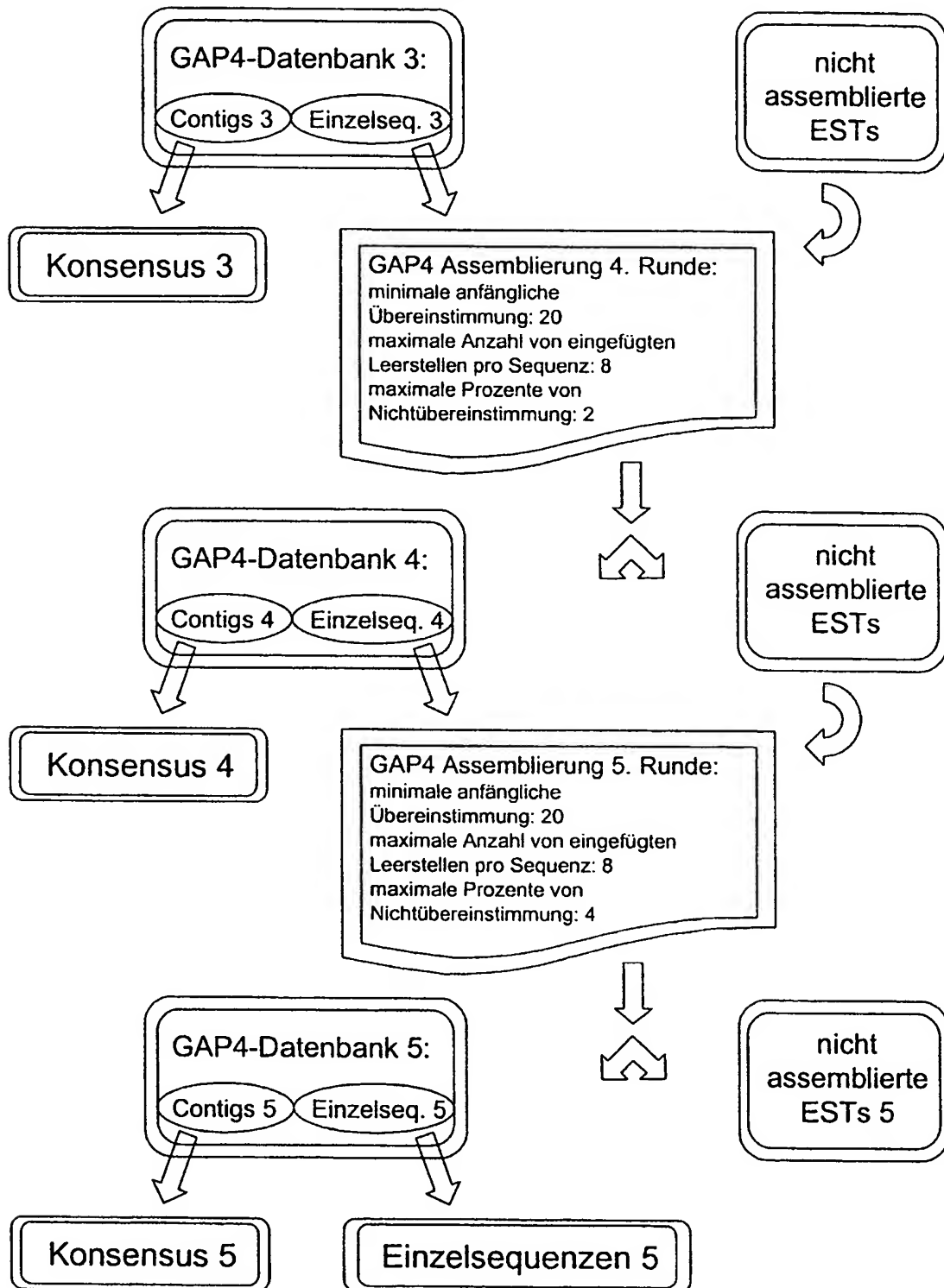


Fig. 2b2

5/10

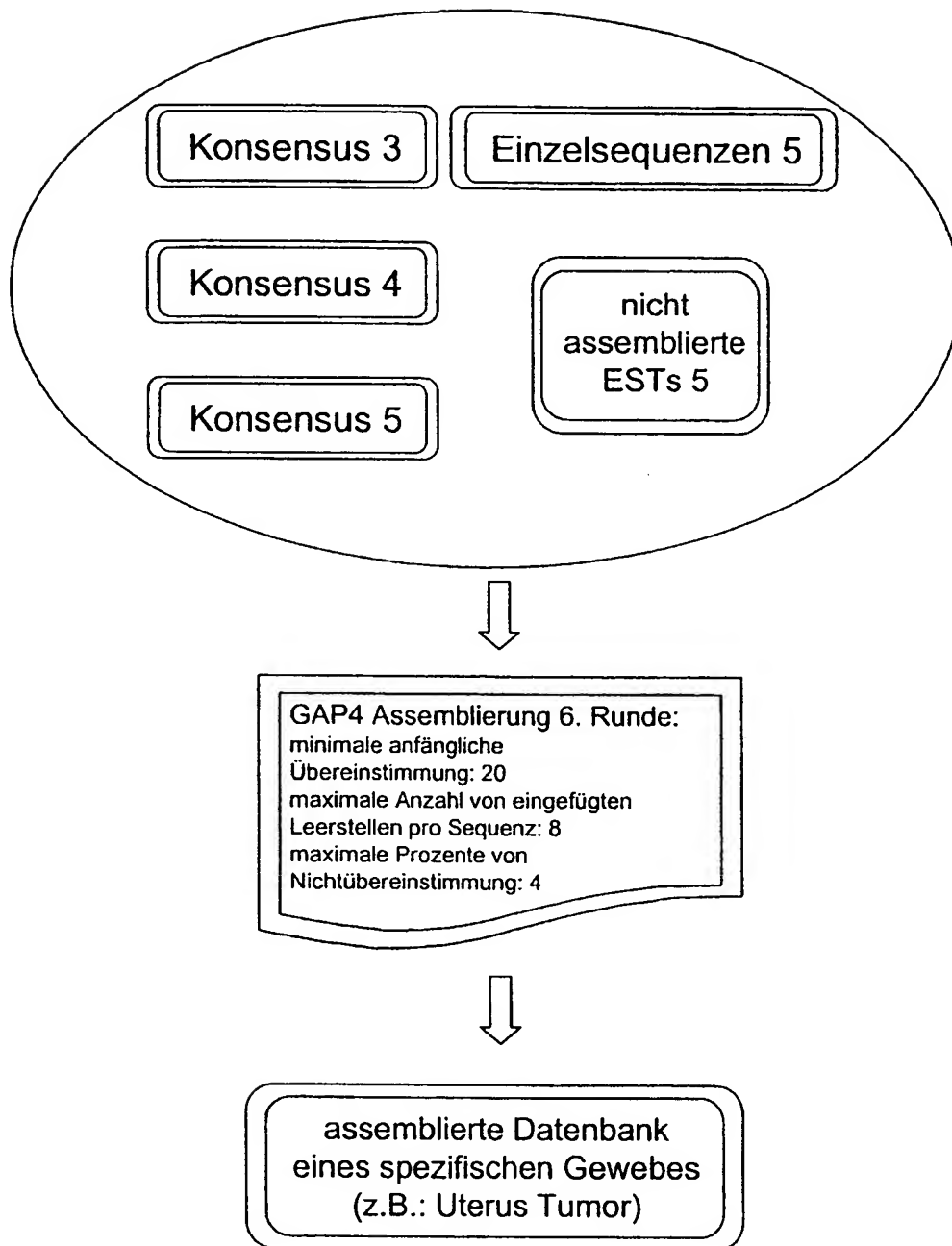


Fig. 2b3

6/10

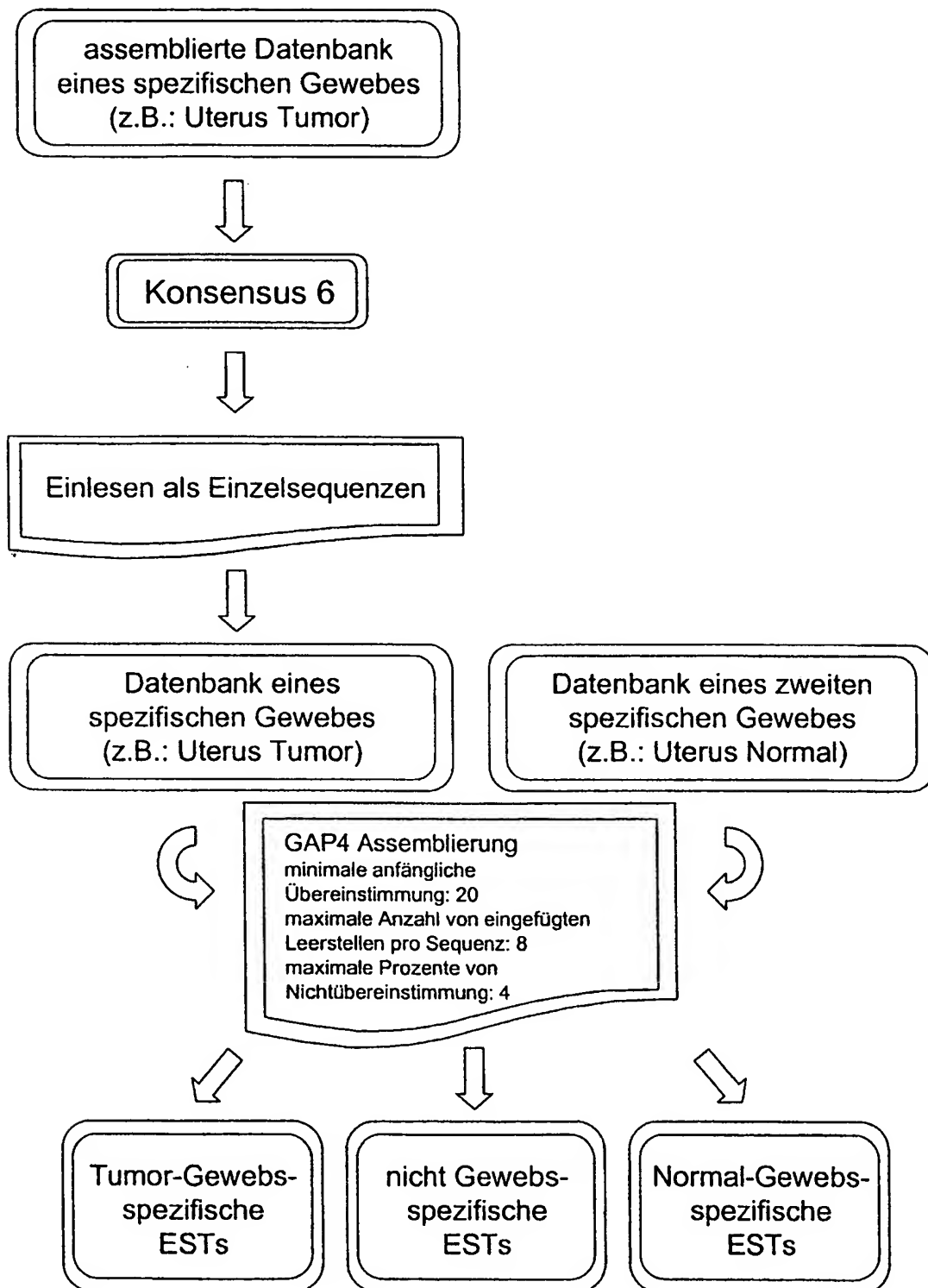


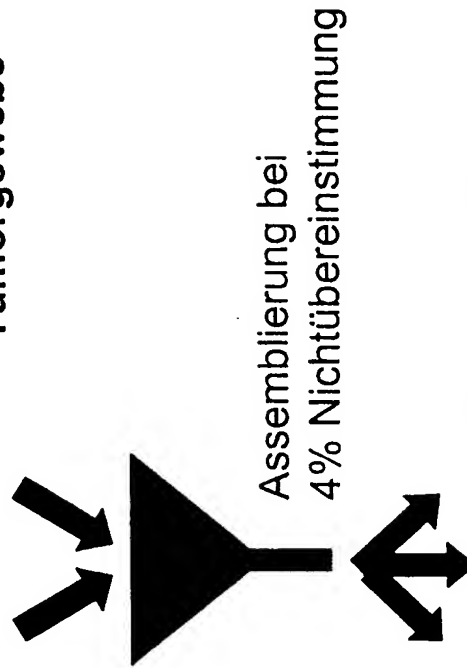
Fig. 2b4

7/10

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Tumorgewebe



Assemblierung bei  
4% Nichtübereinstimmung

Normalgewebe  
Spezifische Gene

Krebsgewebe  
Spezifische Gene

In beiden Geweben  
exprimierte Gene

Fig. 3



8/10

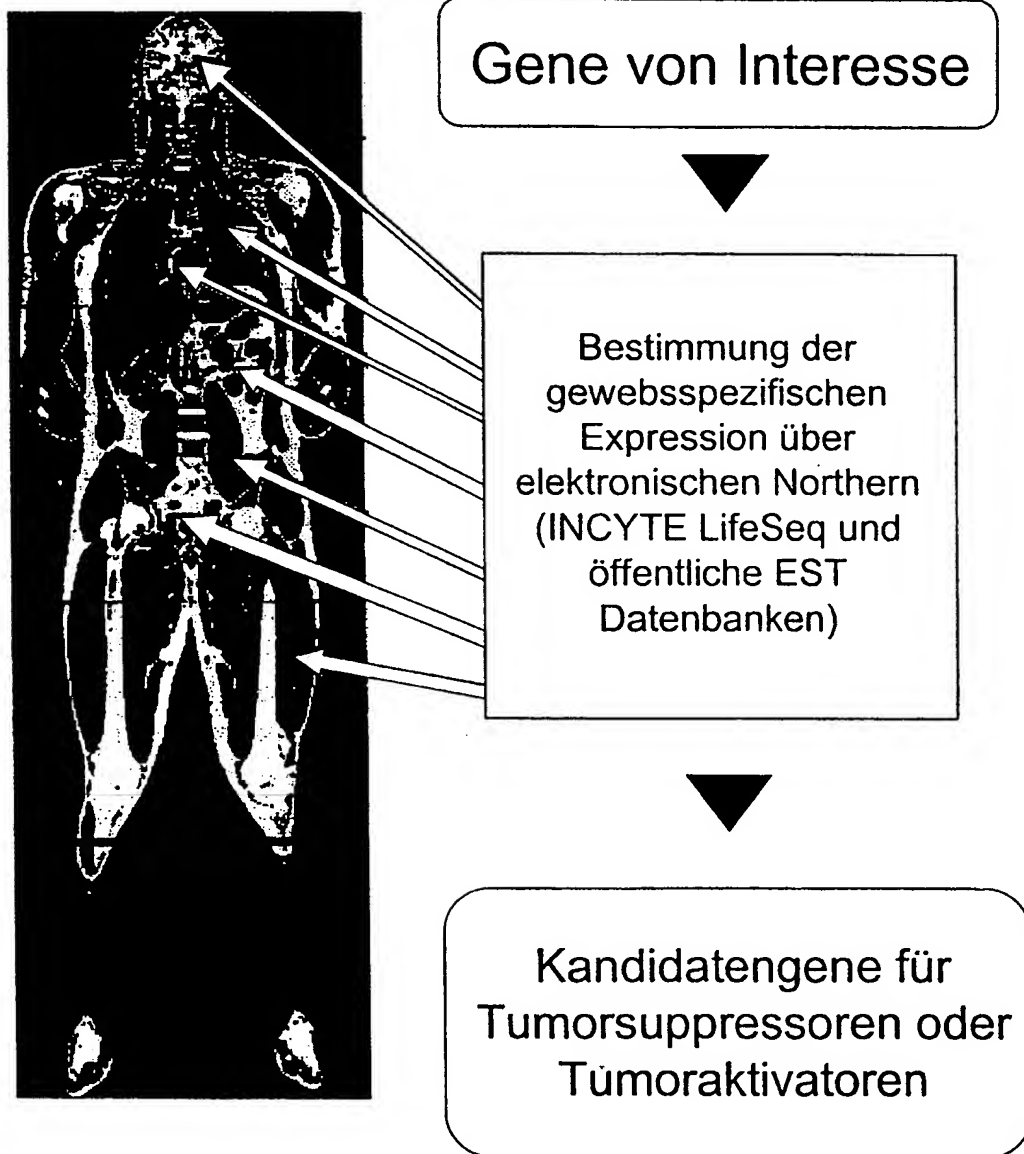


Fig. 4a

9/10

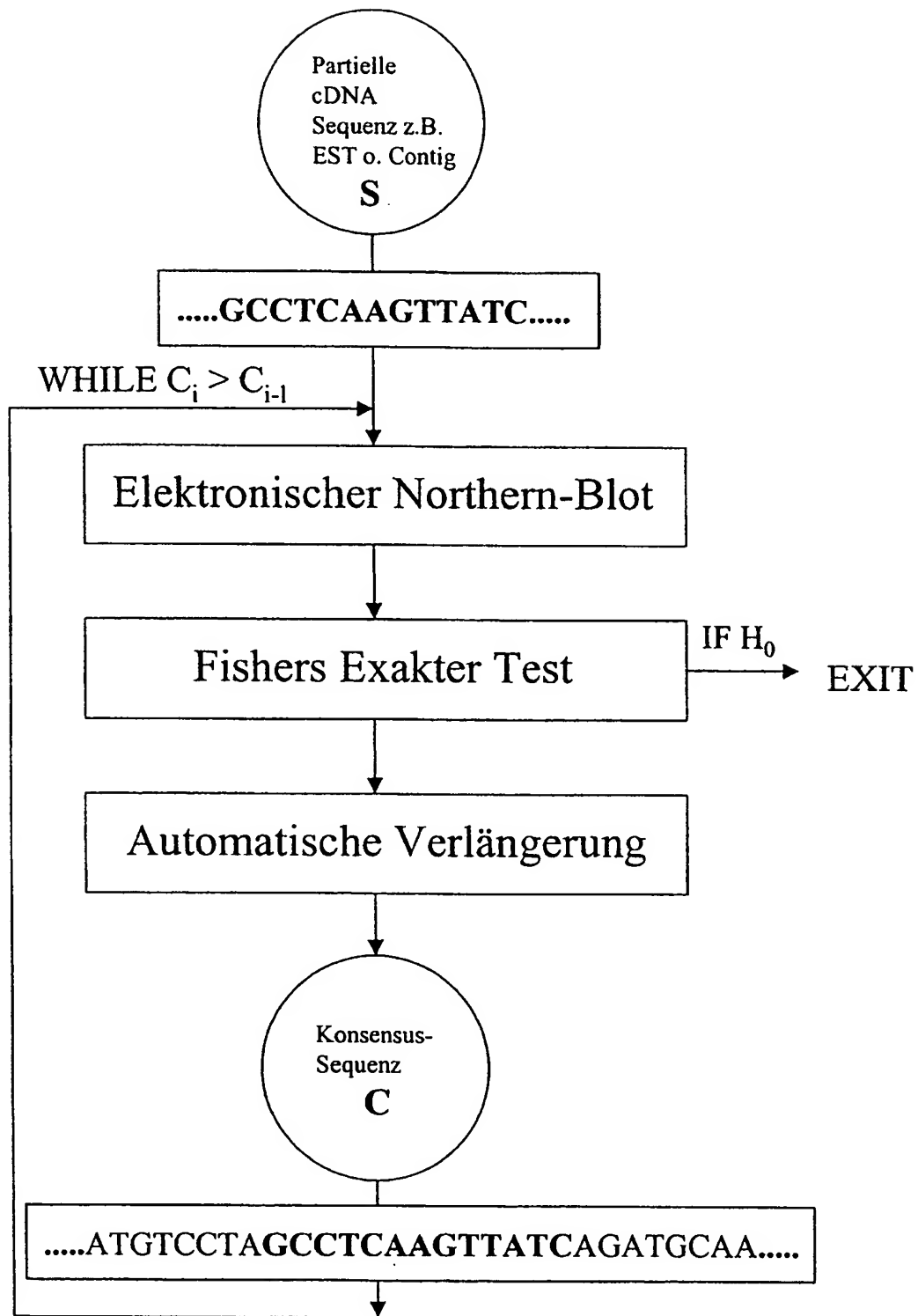


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5